GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: June 19, 2002, 14:32:43 ; Search time 12601.5 Seconds
(without alignments)
17976.355 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-957-1
Perfect score: 10825
Sequence: 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATT.....TCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1797656 seqs, 10463268293 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 3595312

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : GenEmbl:*
1: gb_ba:*
2: gb_htg:*
3: gb_in:*
4: gb_om:*
5: gb_ov:*
6: gb_pat:*
7: gb_ph:*
8: gb_pl:*
9: gb_pr:*
10: gb_ro:*
11: gb_sts:*
12: gb_sy:*
13: gb_un:*
14: gb_vi:*
15: em_ba:*
16: em_fun:*
17: em_hum:*
18: em_in:*
19: em_mu:*
20: em_om:*
21: em_or:*
22: em_ov:*
23: em_pat:*
24: em_ph:*
25: em_pl:*
26: em_ro:*
27: em_sts:*
28: em_un:*
29: em_vi:*
30: em_htg_hum:*
31: em_htg_inv:*
32: em_htg_other:*
33: em_htgo_inv:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	10823	100.0	10825	6	AR117789	AR117789 Sequence
2	10823	100.0	10825	6	AR117790	AR117790 Sequence
3	10823	100.0	10825	6	AR117791	AR117791 Sequence
4	10823	100.0	10825	6	AR117792	AR117792 Sequence
5	10823	100.0	10825	6	AR149459	AR149459 Sequence
6	10823	100.0	10825	6	AR149460	AR149460 Sequence
7	10823	100.0	10825	6	AR149461	AR149461 Sequence
8	10823	100.0	10825	6	AR149462	AR149462 Sequence
9	10823	100.0	246240	6	AR036572	AR036572 Sequence
10	10823	100.0	246240	6	AR036573	AR036573 Sequence
11	10823	100.0	246240	6	AR036574	AR036574 Sequence
12	10759.8	99.4	12146	9	HSHFE	Z92910 Homo sapien
c 13	10658.6	98.5	193752	2	AL359892	AL359892 Homo sapi
c 14	7542	69.7	246282	9	HSU91328	U91328 Human hered
15	4251	39.3	101099	9	AL353759	AL353759 Human DNA
16	2556.4	23.6	8622	6	AX347044	AX347044 Sequence
c 17	2248.8	20.8	8622	6	AX347045	AX347045 Sequence
18	1508.6	13.9	2115	9	HSA404378	AJ404378 Homo sapi
19	1421	13.1	1479	9	HSHLAA6	Y09799 H.sapiens H
20	1407	13.0	4349	4	AF301592	AF301592 Diceros b
21	1051.6	9.7	2727	9	HSU60319	U60319 Homo sapien
22	1030.2	9.5	1885	9	AF144242	AF144242 Homo sapi
23	831.2	7.7	874	9	HSHLAH2	Y09800 H.sapiens H
24	769.4	7.1	772	9	AF184234	AF184234 Homo sapi
25	740.2	6.8	3334	4	AF301591	AF301591 Ceratothe
26	701	6.5	701	9	HSA298839	AJ298839 Homo sapi
27	677.8	6.3	794	9	AF144238	AF144238 Homo sapi
28	657	6.1	761	9	HSHLAH1	Y09801 H.sapiens H
29	638.4	5.9	653	9	HSHLAH4	Y09803 H.sapiens H
30	560	5.2	560	9	HSA298840	AJ298840 Homo sapi
31	547	5.1	547	9	AF147392	AF147392 Homo sapi
32	546.8	5.1	551	9	AF331065	AF331065 Homo sapi
33	516	4.8	517	6	AR117804	AR117804 Sequence
34	516	4.8	517	6	AR117805	AR117805 Sequence
35	516	4.8	517	6	AR149474	AR149474 Sequence
36	516	4.8	517	6	AR149475	AR149475 Sequence
37	516	4.8	517	6	I82157	I82157 Sequence 3
38	516	4.8	517	6	I82158	I82158 Sequence 4
39	516	4.8	517	6	I82167	I82167 Sequence 13
40	511.6	4.7	526	9	HSHLAH7	Y09802 H.sapiens H
41	430.2	4.0	987	9	AF150664	AF150664 Homo sapi
c 42	398.2	3.7	128726	9	AL136458	AL136458 Human DNA
43	398.2	3.7	130195	2	AC090170	AC090170 Homo sapi
44	393.8	3.6	103259	2	AC012430	AC012430 Homo sapi
c 45	389	3.6	190112	2	AP002354	AP002354 Homo sapi

ALIGNMENTS

RESULT 1
AR117789
LOCUS AR117789 10825 bp DNA linear PAT 16-MAY-2001
DEFINITION Sequence 1 from patent US 6140305.
ACCESSION AR117789
VERSION AR117789.1 GI:14098695
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 10825)
AUTHORS Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D., Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
TITLE Hereditary hemochromatosis gene products
JOURNAL Patent: US 6140305-A 1 31-OCT-2000;
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .10825
/organism="unknown"
BASE COUNT 2998 a 2253 c 2648 g 2926 t
ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 6; Length 10825;

```
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy    2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
```

```
Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
```


Db 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Qy 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Db 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Qy 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Db 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Qy 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Db 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Qy 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Db 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Qy 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Db 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Qy 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Db 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Qy 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Db 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Qy 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Db 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Qy 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Qy 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Qy 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Qy 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

```
Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
```

```
Db    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Db    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Db    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Db    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Db    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Db    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Db    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Db    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Db    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Db    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Db    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Db    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Db    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Db    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Db    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Db    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Db    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Db    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Db    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

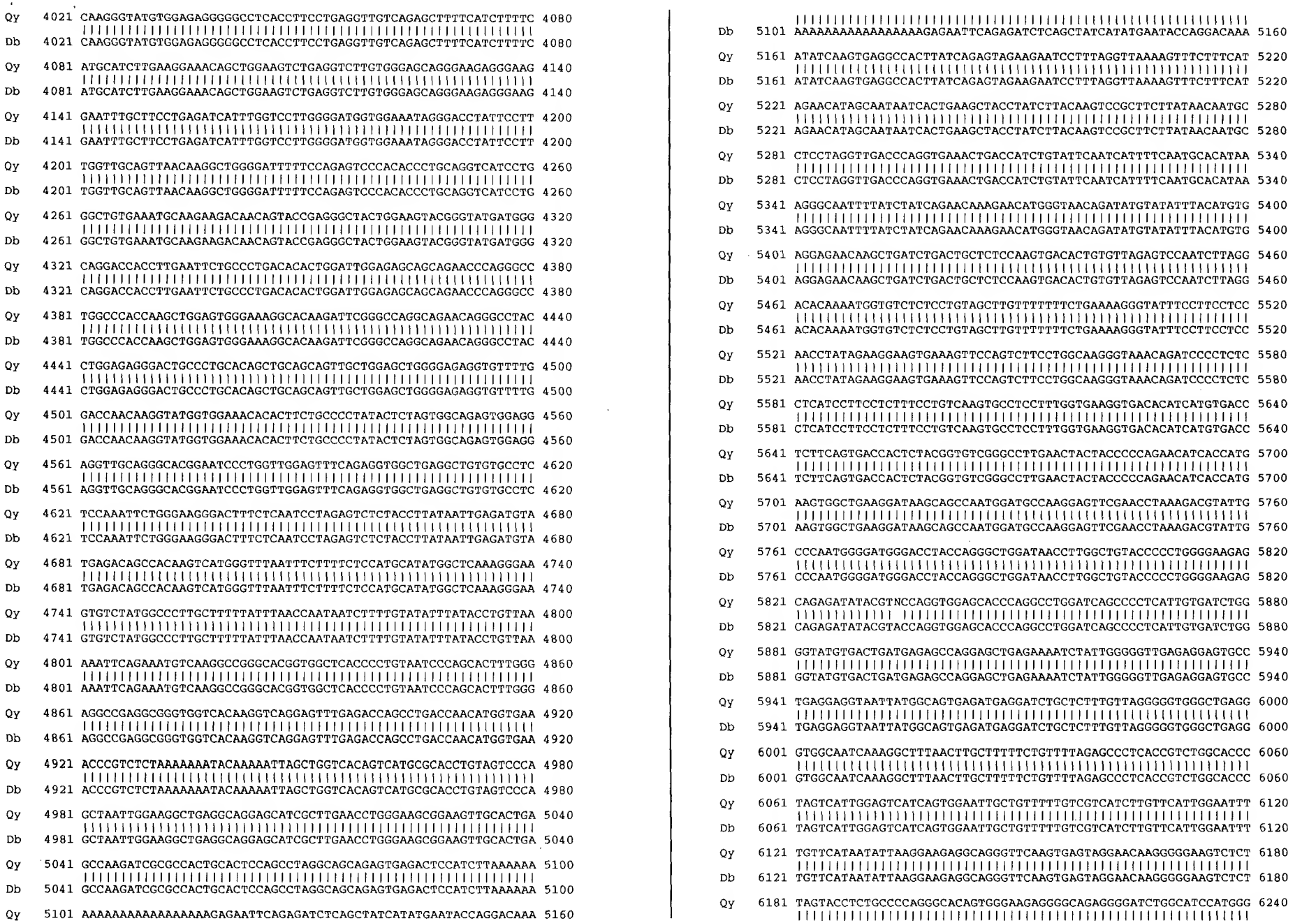
RESULT 2
AR117790

```
LOCUS       AR117790               10825 bp    DNA     linear   PAT 16-MAY-2001
DEFINITION  Sequence 3 from patent US 6140305.
ACCESSION   AR117790
VERSION     AR117790.1  GI:14098696
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Hereditary hemochromatosis gene products
  JOURNAL   Patent: US 6140305-A 3 31-OCT-2000;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2999 a   2253 c   2647 g   2926 t
ORIGIN
```

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 6; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

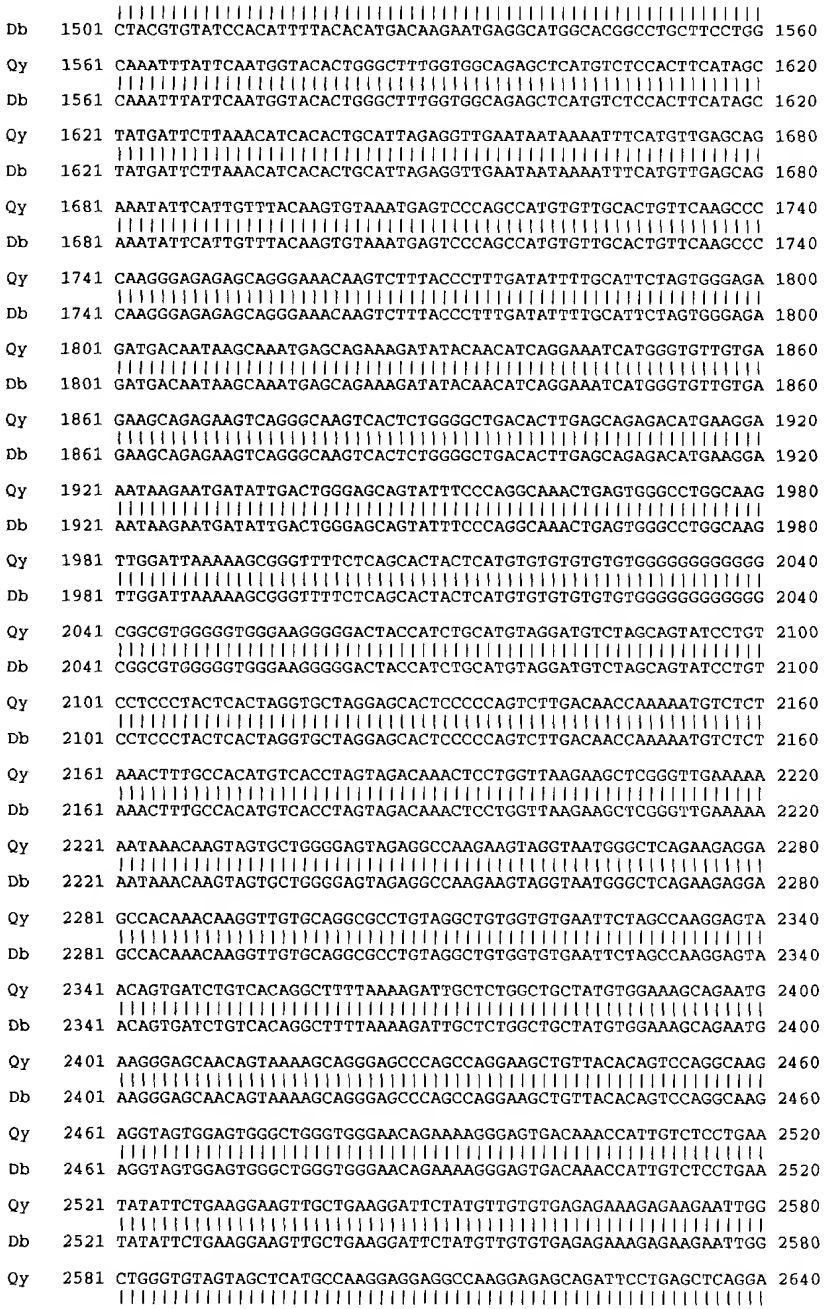
```
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
```


Qy 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Db 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Qy 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Db 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Qy 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Db 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Qy 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Db 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Qy 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Db 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Qy 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Db 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Qy 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Db 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Qy 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Db 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Qy 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Db 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Qy 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Db 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Qy 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Db 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Qy 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Db 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Qy 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Db 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Qy 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Db 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Qy 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Qy 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Qy 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Qy 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

```
Db    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy    8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
```

```
Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   3
AR117791
LOCUS       AR117791               10825 bp    DNA     linear   PAT 16-MAY-2001
DEFINITION  Sequence 5 from patent US 6140305.
ACCESSION   AR117791
VERSION     AR117791.1  GI:14098697
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Hereditary hemochromatosis gene products
  JOURNAL   Patent: US 6140305-A 5 31-OCT-2000;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2998 a   2252 c   2649 g   2926 t
ORIGIN


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 10825;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
```


Db 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Qy 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Qy 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Qy 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Qy 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Qy 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

```
Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
```

```
Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
```

```
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
```

```
Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
```

```
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   4
AR117792
LOCUS       AR117792               10825 bp    DNA     linear   PAT 16-MAY-2001
DEFINITION  Sequence 7 from patent US 6140305.
ACCESSION   AR117792
VERSION     AR117792.1  GI:14098698
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Hereditary hemochromatosis gene products
  JOURNAL   Patent: US 6140305-A 7 31-OCT-2000;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2999 a   2252 c   2648 g   2926 t
ORIGIN


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 10825;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
```

```
Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
```

```
Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
```

```
Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
```

```
Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

```
RESULT   5
AR149459
LOCUS       AR149459               10825 bp    DNA     linear   PAT 08-AUG-2001
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 6228594.
ACCESSION   AR149459
VERSION     AR149459.1  GI:15114050
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
  .         Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Method for determining the presence or absence of a hereditary
            hemochromatosis gene mutation
  JOURNAL   Patent: US 6228594-A 1 08-MAY-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2998 a   2253 c   2648 g   2926 t
ORIGIN
```

```
  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 10825;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
```


Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Qy 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Qy 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Qy 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Qy 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Qy 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Qy 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Db 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Qy 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Db 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Qy 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Db 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Qy 3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Db 3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Qy 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Db 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Qy 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Db 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Qy 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Db 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Qy 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Db 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Qy 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Db 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Qy 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Db 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Qy 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Db 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Qy 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Db 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Qy 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Db 4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Qy 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Db 4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Qy 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Db 4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Qy 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Db 4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Qy 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Db 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Qy 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Db 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Qy 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Db 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Qy 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

```
Db    5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy    5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy    5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy    5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy    5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy    5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy    5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy    5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy    5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy    5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy    5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
           |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy    5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy    5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy    6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy    6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy    6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
```

```
Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 6
AR149460

```
LOCUS       AR149460              10825 bp    DNA     linear   PAT 08-AUG-2001
DEFINITION  Sequence 3 from patent US 6228594.
ACCESSION   AR149460
VERSION     AR149460.1  GI:15114051
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Method for determining the presence or absence of a hereditary
            hemochromatosis gene mutation
  JOURNAL   Patent: US 6228594-A 3 08-MAY-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2999 a   2253 c   2647 g   2926 t
ORIGIN
```

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 6; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
```

```
Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
```


Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Qy 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Qy 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Qy 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

```
Db    7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy    8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy    8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy    8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
```

```
Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 7
AR149461

```
LOCUS       AR149461               10825 bp    DNA     linear   PAT 08-AUG-2001
DEFINITION  Sequence 5 from patent US 6228594.
ACCESSION   AR149461
VERSION     AR149461.1  GI:15114052
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Method for determining the presence or absence of a hereditary
            hemochromatosis gene mutation
  JOURNAL   Patent: US 6228594-A 5 08-MAY-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     2998 a   2252 c   2649 g   2926 t
ORIGIN
```

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 6; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
```

```
Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy  5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
         |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
```


Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Qy 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Qy 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Qy 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Qy 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Qy 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Qy 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Qy 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Qy 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Qy 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Qy 8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

```
Db  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy  9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy  9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy  9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy  9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy  9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy  9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
```

```
Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy 10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy 10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
         |||||||||||||||||||||||||
Db 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

```
RESULT   8
AR149462
LOCUS       AR149462              10825 bp    DNA     linear   PAT 08-AUG-2001
DEFINITION  Sequence 7 from patent US 6228594.
ACCESSION   AR149462
VERSION     AR149462.1  GI:15114053
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 10825)
  AUTHORS   Thomas,W.J., Drayna,D.T., Feder,J.N., Gnirke,A., Ruddy,D.,
            Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Method for determining the presence or absence of a hereditary
            hemochromatosis gene mutation
  JOURNAL   Patent: US 6228594-A 7 08-MAY-2001;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .10825
                     /organism="unknown"
```

BASE COUNT 2999 a 2252 c 2648 g 2926 t
ORIGIN

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 6; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
```

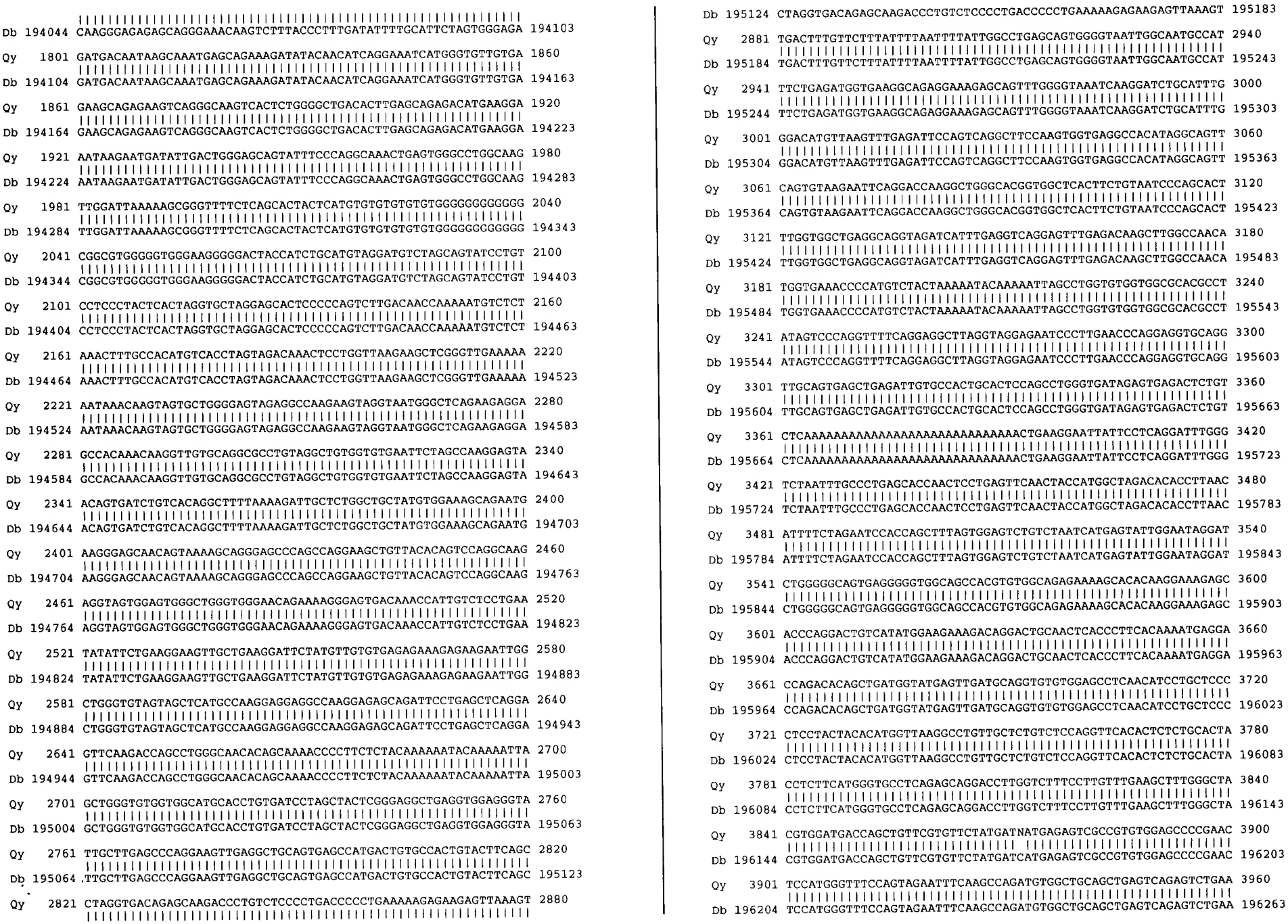
```
Db  2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy  3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
         |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy  3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
```

```
Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

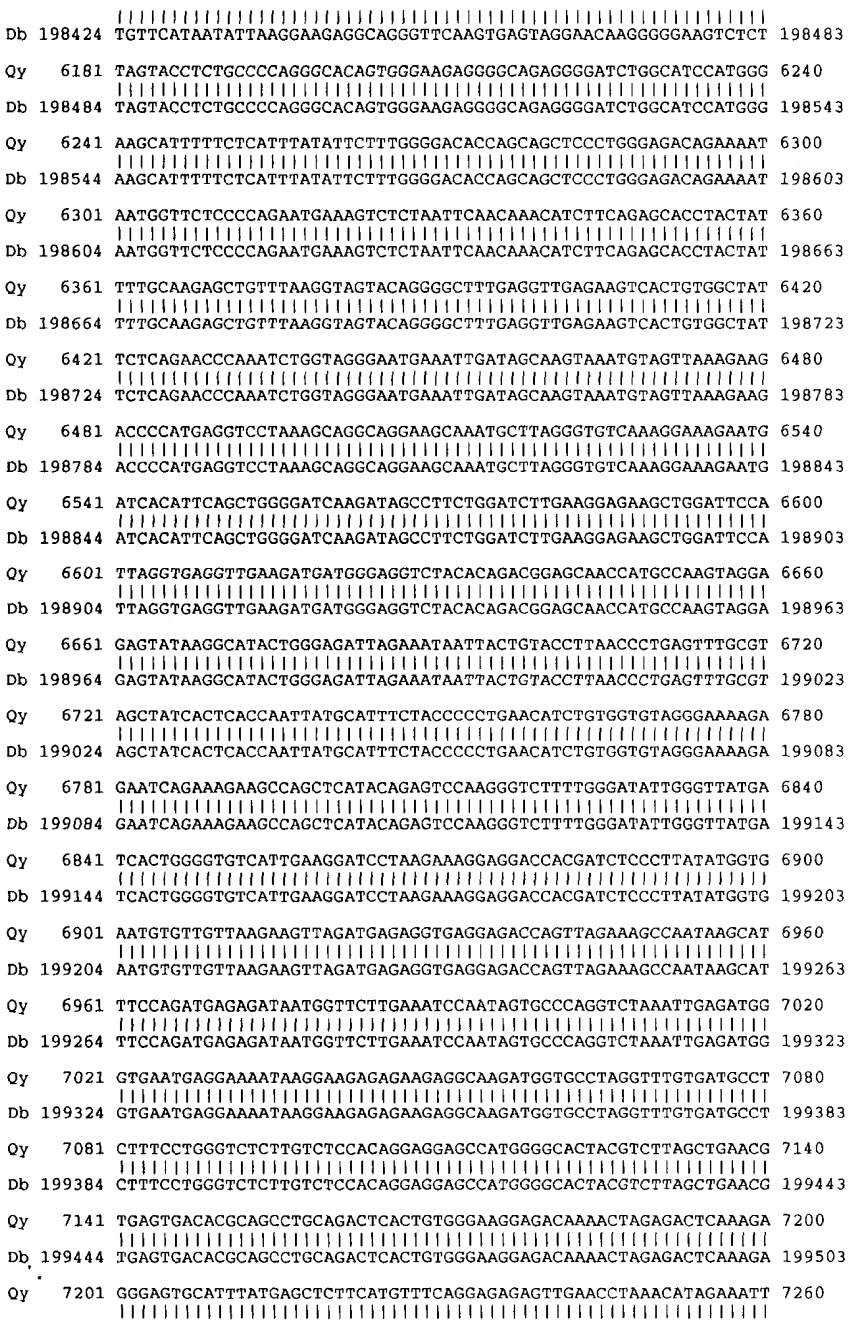
```
Db  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy  7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy  7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy  7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy  8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
```

```
Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   9
AR036572
LOCUS       AR036572              246240 bp    DNA     linear   PAT 29-SEP-1999
DEFINITION  Sequence 20 from patent US 5872237.
ACCESSION   AR036572
VERSION     AR036572.1  GI:5953240
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 246240)
  AUTHORS   Feder,J.Nathan., Kronmal,G.Scott., Lauer,P.M., Ruddy,D.A.,
            Thomas,W., Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Megabase transcript map: novel sequences and antibodies thereto
  JOURNAL   Patent: US 5872237-A 20 16-FEB-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .246240
                     /organism="unknown"
BASE COUNT    73211 a  50177 c  50599 g  72252 t      1 others
ORIGIN


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 246240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
```


Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663
Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723
Qy 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783
Qy 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843
Qy 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903
Qy 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963
Qy 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023
Qy 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083
Qy 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143
Qy 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203
Qy 3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

```
Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
```


Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803
Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863
Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923
Qy 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983
Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043
Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103
Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163
Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223
Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283
Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343
Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403
Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463
Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523
Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583
Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

```
Qy    8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy    8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy    8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy    8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy    8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy    8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy    8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy    8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
```

```
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128


RESULT  10
AR036573
LOCUS       AR036573               246240 bp    DNA     linear   PAT 29-SEP-1999
DEFINITION  Sequence 21 from patent US 5872237.
ACCESSION   AR036573
VERSION     AR036573.1  GI:5953241
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 246240)
  AUTHORS   Feder,J.Nathan., Kronmal,G.Scott., Lauer,P.M., Ruddy,D.A.,
            Thomas,W., Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Megabase transcript map: novel sequences and antibodies thereto
  JOURNAL   Patent: US 5872237-A 21 16-FEB-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .246240
                     /organism="unknown"
BASE COUNT    73211 a  50177 c  50599 g  72252 t      1 others
ORIGIN


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 246240;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743
```

```
Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123
```

```
Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503
```

```
Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128


RESULT  11
AR036574
LOCUS       AR036574               246240 bp    DNA     linear   PAT 29-SEP-1999
DEFINITION  Sequence 22 from patent US 5872237.
ACCESSION   AR036574
VERSION     AR036574.1  GI:5953242
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 246240)
  AUTHORS   Feder,J.Nathan., Kronmal,G.Scott., Lauer,P.M., Ruddy,D.A.,
            Thomas,W., Tsuchihashi,Z. and Wolff,R.K.
  TITLE     Megabase transcript map: novel sequences and antibodies thereto
  JOURNAL   Patent: US 5872237-A 22 16-FEB-1999;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .246240
                     /organism="unknown"
BASE COUNT    73211 a  50177 c  50599 g  72252 t      1 others
ORIGIN


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 6;  Length 246240;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443
```

```
Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
```

```
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823
```

```
Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203
```

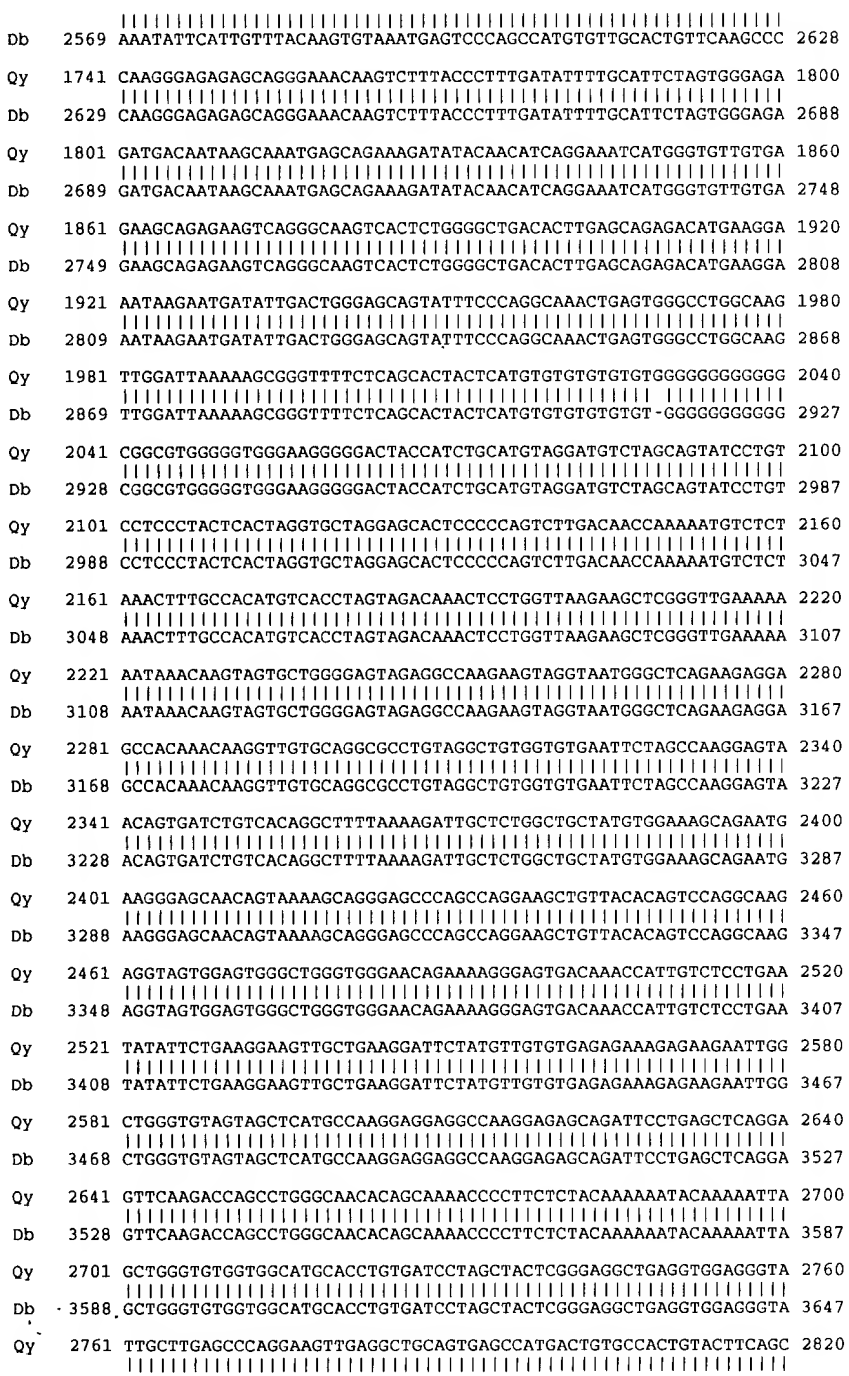
```
Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128
```

```
RESULT  12
HSHFE
LOCUS       HSHFE                  12146 bp    DNA     linear   PRI 23-JUL-1999
DEFINITION  Homo sapiens HFE gene.
ACCESSION   Z92910
VERSION     Z92910.1  GI:1890179
KEYWORDS    haemochromatosis; HFE gene.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 858)
  AUTHORS   Albig,W., Drabent,B., Burmester,N., Bode,C. and Doenecke,D.
  TITLE     The haemochromatosis candidate gene HFE (HLA-H) of man and mouse is
            located in syntenic regions within the histone gene cluster
  JOURNAL   J. Cell. Biochem. 69 (2), 117-126 (1998)
  MEDLINE   98208340
REFERENCE   2  (bases 1 to 12146)
  AUTHORS   Albig,W.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (14-MAR-1997) Albig W., Georg-August-Universitaet
            Goettingen, Biochemie und Molekulare Zellbiologie, Humboldtallee
            23, Goettingen, FRG, 37073
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .12146
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="6"
                     /map="6p"
                     /clone="ICRFy901D1223"
                     /clone_lib="ICRF YAC-library"
     exon            1028. .1324
                     /gene="HFE"
                     /number=1
     gene            1028. .10637
                     /gene="HFE"
     CDS             join(1249. .1324,4652. .4915,5125. .5400,6494. .6769,
                     6928. .7041,7995. .8035)
                     /gene="HFE"
                     /function="iron metabolism"
                     /note="haemochromatosis candidate gene"
                     /codon_start=1
                     /protein_id="CAB07442.1"
                     /db_xref="GI:1890180"
                     /db_xref="SWISS-PROT:Q30201"
                     /translation="MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGL
                     SLFEALGYVDDQLFVFYDHESRRVEPRTPWVSSRISSQMWLQLSQSLKGWDHMFTVDF
                     WTIMENHNHSKESHTLQVILGCEMQEDNSTEGYWKYGYDGQDHLEFCPDTLDWRAAEP
                     RAWPTKLEWERHKIRARQNRAYLERDCPAQLQQLLELGRGVLDQQVPPLVKVTHHVTS
                     SVTTLRCRALNYYPQNITMKWLKDKQPMDAKEFEPKDVLPNGDGTYQGWITLAVPPGE
                     EQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSPSGTLVIGVISGIAVFVVILFIGILFIILRKRQG
                     SRGAMGHYVLAERE"
     intron          1325. .4651
                     /gene="HFE"
                     /number=1
     repeat_unit     3494. .3735
                     /gene="HFE"
                     /rpt_family="Alu"
     repeat_unit     3973. .4283
                     /gene="HFE"
                     /rpt_family="Alu"
     exon            4652. .4915
                     /gene="HFE"
                     /number=2
     intron          4916. .5124
                     /gene="HFE"
                     /number=2
     exon            5125. .5400
                     /gene="HFE"
                     /number=3
     intron          5401. .6493
                     /gene="HFE"
                     /number=3
     repeat_unit     5707. .6005
                     /gene="HFE"
                     /rpt_family="Alu"
     exon            6494. .6769
                     /gene="HFE"
                     /number=4
     intron          6770. .6927
```

```
                     /gene="HFE"
                     /number=4
     exon            6928. .7041
                     /gene="HFE"
                     /number=5
     intron          7042. .7994
                     /gene="HFE"
                     /number=5
     exon            7995. .9050
                     /gene="HFE"
                     /number=6
     repeat_unit     9017. .9340
                     /gene="HFE"
                     /rpt_family="Alu"
     intron          9051. .10205
                     /gene="HFE"
                     /number=6
     repeat_unit     9957. .10239
                     /gene="HFE"
                     /rpt_family="Alu"
     exon            10206. .10637
                     /gene="HFE"
                     /number=7
     polyA_signal    10617. .10622
                     /gene="HFE"
BASE COUNT      3383 a    2474 c    2911 g    3378 t
ORIGIN
```

Query Match 99.4%; Score 10759.8; DB 9; Length 12146;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 0;
Matches 10812; Conservative 0; Mismatches 9; Indels 8; Gaps 4;

```
Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     889 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 948

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     949 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 1008

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1009 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 1068

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1069 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 1128

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1129 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 1188

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1189 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 1248

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1249 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 1308

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1309 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 1368

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1369 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 1428

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1429 TCAACCCAATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 1488

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1489 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 1548

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1549 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 1608

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1609 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 1668

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1669 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 1728

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1729 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 1788

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1789 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 1848

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1849 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1908

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1909 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1968

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1969 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 2028

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2029 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 2088

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2089 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 2148

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2149 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 2208

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2209 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 2268

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2269 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 2328

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2329 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 2388

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2389 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 2448

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2449 CAAATTTATTCAATGGTACACGGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 2508

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2509 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 2568

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
```


Db 2569 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 2628
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 2629 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 2688
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 2689 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 2748
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 2749 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 2808
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 2809 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 2868
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 2869 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGT-GGGGGGGGGG 2927
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2928 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2987
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2988 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 3047
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 3048 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 3107
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 3108 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 3167
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 3168 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 3227
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 3228 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 3287
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 3288 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 3347
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 3348 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 3407
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 3408 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 3467
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 3468 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 3527
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 3528 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 3587
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 3588 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 3647
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 3648 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 3707
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 3708 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 3767
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 3768 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 3827
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 3828 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 3886
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 3887 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3946
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3947 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCAGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 4006
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 4007 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 4066
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 4067 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 4126
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 4127 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 4186
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 4187 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 4246
Qy 3361 CTC----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 3416
Db 4247 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 4306
Qy 3417 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 3476
Db 4307 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 4366
Qy 3477 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 3536
Db 4367 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 4426
Qy 3537 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 3596
Db 4427 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 4486
Qy 3597 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG 3656
Db 4487 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG 4546
Qy 3657 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGC 3716
Db 4547 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGC 4606
Qy 3717 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGC 3776
Db 4607 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGC 4666
Qy 3777 ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG 3836
Db 4667 ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG 4726
Qy 3837 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 3896
Db 4727 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 4786

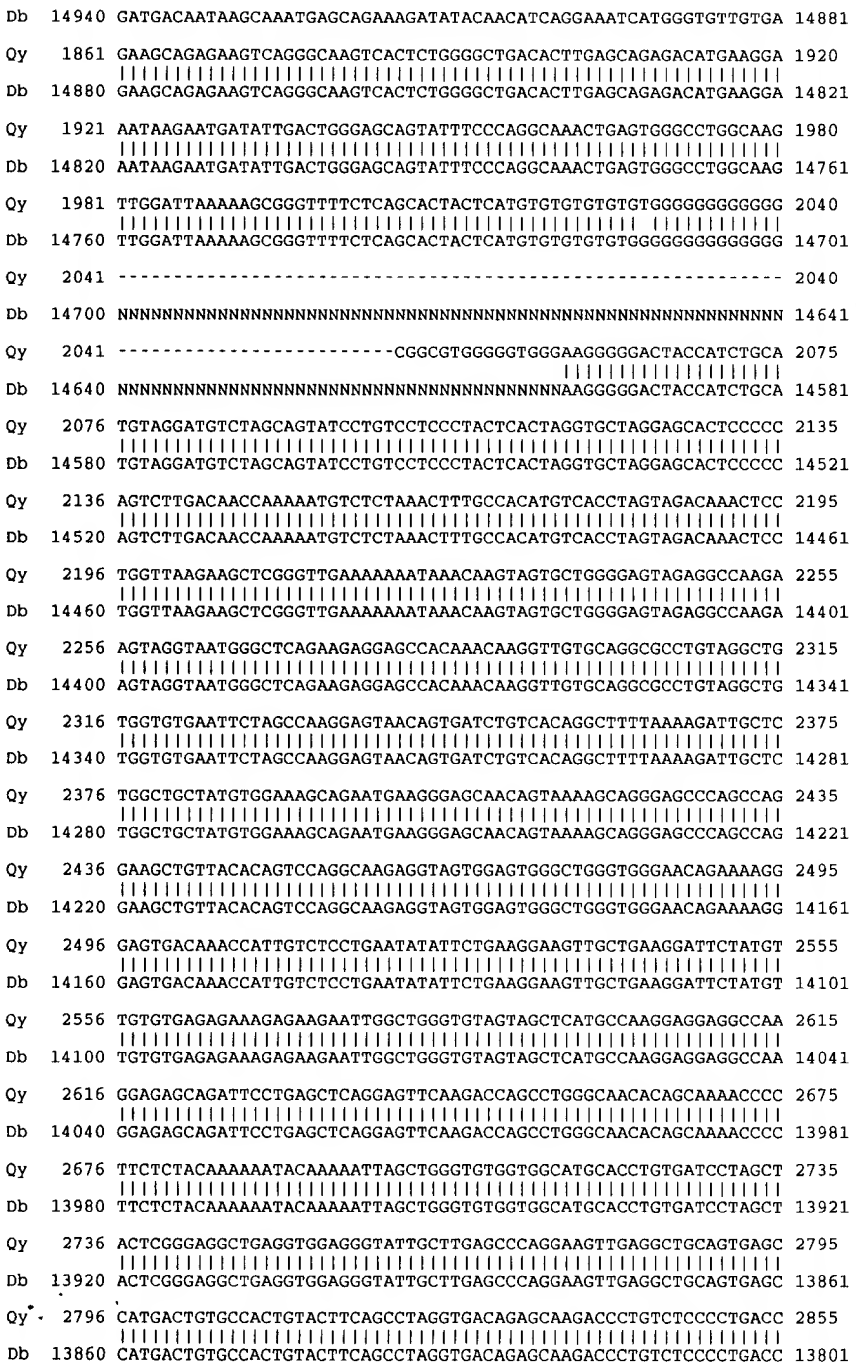

Qy 3897 GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTC 3956
Db 4787 GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTC 4846
Qy 3957 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4016
Db 4847 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4906
Qy 4017 ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT 4076
Db 4907 ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT 4966
Qy 4077 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGG 4136
Db 4967 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGG 5026
Qy 4137 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATT 4196
Db 5027 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATT 5086
Qy 4197 CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCAT 4256
Db 5087 CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCAT 5146
Qy 4257 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGA 4316
Db 5147 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGA 5206
Qy 4317 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAG 4376
Db 5207 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAG 5266
Qy 4377 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGC 4436
Db 5267 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGC 5326
Qy 4437 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGT 4496
Db 5327 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGT 5386
Qy 4497 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 4556
Db 5387 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 5446
Qy 4557 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 4616
Db 5447 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 5506
Qy 4617 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 4676
Db 5507 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 5566
Qy 4677 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 4736
Db 5567 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 5626
Qy 4737 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTG 4796
Db 5627 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTG 5686
Qy 4797 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 4856
Db 5687 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 5746
Qy 4857 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 4916
Db 5747 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 5806
Qy 4917 TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGT 4976
Db 5807 TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGT 5866
Qy 4977 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCA 5036
Db 5867 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCA 5926
Qy 5037 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAA 5096
Db 5927 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTT-- 5984
Qy 5097 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA 5156
Db 5985 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA 6044
Qy 5157 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 5216
Db 6045 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 6104
Qy 5217 TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACA 5276
Db 6105 TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACA 6164
Qy 5277 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCAC 5336
Db 6165 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCAC 6224
Qy 5337 ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACA 5396
Db 6225 ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACA 6284
Qy 5397 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 5456
Db 6285 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 6344
Qy 5457 TAGGACACAAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC 5516
Db 6345 TAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC 6404
Qy 5517 CTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC 5576
Db 6405 CTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC 6464
Qy 5577 TCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGT 5636
Db 6465 TCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGT 6524
Qy 5637 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 5696
Db 6525 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 6584
Qy 5697 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 5756
Db 6585 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 6644
Qy 5757 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 5816
Db 6645 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 6704
Qy 5817 AGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGAT 5876
Db 6705 AGAGCAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGAT 6764
Qy 5877 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 5936
Db 6765 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 6824
Qy 5937 TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCT 5996
Db 6825 TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGATGGGCT 6884
Qy 5997 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6056
Db 6885 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6944
Qy 6057 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 6116

```
Db    6945 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 7004

Qy    6117 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 6176
Db    7005 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 7064

Qy    6177 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 6236
Db    7065 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 7124

Qy    6237 TGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGA 6296
Db    7125 TGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGA 7184

Qy    6297 AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 6356
Db    7185 AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 7244

Qy    6357 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 6416
Db    7245 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 7304

Qy    6417 CTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 6476
Db    7305 CTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 7364

Qy    6477 GAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 6536
Db    7365 GAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 7424

Qy    6537 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 6596
Db    7425 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 7484

Qy    6597 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 6656
Db    7485 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 7544

Qy    6657 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTT 6716
Db    7545 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTT 7604

Qy    6717 GCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAA 6776
Db    7605 GCTTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAA 7664

Qy    6777 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 6836
Db    7665 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 7724

Qy    6837 ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATAT 6896
Db    7725 ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATAT 7784

Qy    6897 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 6956
Db    7785 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 7844

Qy    6957 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7016
Db    7845 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7904

Qy    7017 ATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7076
Db    7905 ATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7964

Qy    7077 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTG 7136
Db    7965 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTG 8024

Qy    7137 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 7196
Db    8025 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 8084

Qy    7197 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 7256
Db    8085 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 8144

Qy    7257 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCC 7316
Db    8145 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCC 8204

Qy    7317 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 7376
Db    8205 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 8264

Qy    7377 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTC 7436
Db    8265 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTC 8324

Qy    7437 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 7496
Db    8325 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 8384

Qy    7497 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 7556
Db    8385 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 8444

Qy    7557 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTT 7616
Db    8445 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTT 8504

Qy    7617 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATT 7676
Db    8505 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATT 8564

Qy    7677 CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 7736
Db    8565 CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 8624

Qy    7737 AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 7796
Db    8625 AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 8684

Qy    7797 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGC 7856
Db    8685 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGC 8744

Qy    7857 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA 7916
Db    8745 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA 8804

Qy    7917 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT 7976
Db    8805 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT 8864

Qy    7977 GAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTA 8036
Db    8865 GAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTA 8924

Qy    8037 CTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 8096
Db    8925 CTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 8984

Qy    8097 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 8156
Db    8985 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 9044

Qy    8157 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 8216
Db    9045 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 9104

Qy    8217 TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 8276
Db    9105 TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 9164
```

```
Qy    8277 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 8336
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9165 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 9224

Qy    8337 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGT 8396
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9225 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGT 9284

Qy    8397 GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGA 8456
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9285 GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGA 9344

Qy    8457 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 8516
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9345 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 9404

Qy    8517 ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 8576
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9405 ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 9464

Qy    8577 AGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATC 8636
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db    9465 AGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAATGAGCTTGAATC 9524

Qy    8637 ACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAA 8696
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9525 ACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAA 9584

Qy    8697 AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCA 8756
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9585 AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCA 9644

Qy    8757 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT 8816
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9645 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT 9704

Qy    8817 GGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTA 8876
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9705 GGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTA 9764

Qy    8877 TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA 8936
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9765 TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA 9824

Qy    8937 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAA 8996
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9825 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAA 9884

Qy    8997 AAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 9056
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9885 AAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 9944

Qy    9057 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 9116
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9945 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 10004

Qy    9117 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 9176
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10005 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 10064

Qy    9177 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 9236
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10065 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 10124

Qy    9237 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATC 9296
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10125 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATC 10184

Qy    9297 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 9356
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10185 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 10244

Qy    9357 CAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCA 9416
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10245 CAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCA 10304

Qy    9417 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 9476
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10305 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 10364

Qy    9477 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT 9536
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10365 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT 10424

Qy    9537 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTG 9596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10425 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTG 10484

Qy    9597 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG 9656
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10485 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG 10544

Qy    9657 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA 9716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10545 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA 10604

Qy    9717 TGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT 9776
           |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10605 TGCATATACTTTAATAAATGTACATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT 10664

Qy    9777 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTA 9836
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10665 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTA 10724

Qy    9837 ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG 9896
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10725 ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG 10784

Qy    9897 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 9956
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10785 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 10844

Qy    9957 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 10016
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10845 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 10904

Qy   10017 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10076
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10905 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10964

Qy   10077 TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 10136
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10965 TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 11024

Qy   10137 CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTG 10196
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   11025 CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTG 11084

Qy   10197 GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 10256
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   11085 GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 11144

Qy   10257 TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 10316
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   11145 TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 11204

Qy   10317 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 10376
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   11205 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 11264

Qy   10377 AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGAT 10436
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   11265 AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGAT 11324

Qy   10437 GCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACT 10496
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11325 GCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACT 11384

Qy  10497 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 10556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11385 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 11444

Qy  10557 CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA 10616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11445 CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA 11504

Qy  10617 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 10676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11505 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 11564

Qy  10677 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 10736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11565 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 11624

Qy  10737 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 10796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11625 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 11684

Qy  10797 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||||||
Db  11685 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 11713


RESULT  13
AL359892/c
LOCUS       AL359892              193752 bp    DNA     linear   HTG 13-JUN-2001
DEFINITION  Homo sapiens chromosome 6 clone RP11-557F22, *** SEQUENCING IN
            PROGRESS ***, 18 unordered pieces.
ACCESSION   AL359892
VERSION     AL359892.5  GI:9930971
KEYWORDS    HTG; HTGS_PHASE1; HTGS_CANCELLED.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 193752)
  AUTHORS   Sims,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (12-JUN-2001) Sanger Centre, Hinxton, Cambridgeshire,
            CB10 1SA, UK. E-mail enquiries: humquery@sanger.ac.uk Clone
            requests: clonerequest@sanger.ac.uk
COMMENT     On Aug 27, 2000 this sequence version replaced gi:9864230.
            -------------- Genome Center
            Center: Sanger Centre
            Center code: SC
            Web site: http://www.sanger.ac.uk
            Contact: humquery@sanger.ac.uk
            -------------- Project Information
            Center project name: bA557F22
            -------------- Summary Statistics
            Assembly program: XGAP4; version 4.5
            Sequencing vector: plasmid; L08752; 100% of reads
            Chemistry: Dye-terminator Big Dye; 100% of reads
            Consensus quality: 183925 bases at least Q40
            Consensus quality: 187703 bases at least Q30
            Consensus quality: 189658 bases at least Q20
            Insert size: 192052; sum-of-contigs
            Insert size: 198247; agarose-fp
            Quality coverage: 3.68x in Q20 bases; sum-of-contigs Quality
            coverage: 3.70x in Q20 bases; agarose-fp
            --------------.
            * NOTE: This is a 'working draft' sequence. It currently
            * consists of 18 contigs. The true order of the pieces
            * is not known and their order in this sequence record is
            * arbitrary. Gaps between the contigs are represented as
            * runs of N, but the exact sizes of the gaps are unknown.
            * This record will be updated with the finished sequence
            * as soon as it is available and the accession number will
            * be preserved.
            *        1     3250: contig of 3250 bp in length
            *     3251  3350: gap of      100 bp
            *     3351    14600: contig of 11250 bp in length
            *    14601  14700: gap of      100 bp
            *    14701    32357: contig of 17657 bp in length
            *    32358  32457: gap of      100 bp
            *    32458    34886: contig of 2429 bp in length
            *    34887  34986: gap of      100 bp
            *    34987    43490: contig of 8504 bp in length
            *    43491  43590: gap of      100 bp
            *    43591    47437: contig of 3847 bp in length
            *    47438  47537: gap of      100 bp
            *    47538    57356: contig of 9819 bp in length
            *    57357  57456: gap of      100 bp
            *    57457    59845: contig of 2389 bp in length
            *    59846  59945: gap of      100 bp
            *    59946    63972: contig of 4027 bp in length
            *    63973  64072: gap of      100 bp
            *    64073    82711: contig of 18639 bp in length
            *    82712  82811: gap of      100 bp
            *    82812   111814: contig of 29003 bp in length
            *   111815  111914: gap of      100 bp
            *   111915   120276: contig of 8362 bp in length
            *   120277  120376: gap of      100 bp
            *   120377   136660: contig of 16284 bp in length
            *   136661  136760: gap of      100 bp
            *   136761   153913: contig of 17153 bp in length
            *   153914  154013: gap of      100 bp
            *   154014   158659: contig of 4646 bp in length
            *   158660  158759: gap of      100 bp
            *   158760   164235: contig of 5476 bp in length
            *   164236  164335: gap of      100 bp
            *   164336   184996: contig of 20661 bp in length
            *   184997  185096: gap of      100 bp
            *   185097   193752: contig of 8656 bp in length.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .193752
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="6"
                     /clone="RP11-557F22"
                     /clone_lib="RPCI-11.2"
     misc_feature    1. .3250
                     /note="assembly_fragment:01752
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    3351. .14600
                     /note="assembly_fragment:01177
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    14701. .32357
                     /note="assembly_fragment:00673
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    32458. .34886
                     /note="assembly_fragment:00884
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    34987. .43490
                     /note="assembly_fragment:00652
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    43591. .47437
                     /note="assembly_fragment:00628
                     fragment_chain:1"
     misc_feature    47538. .57356
                     /note="assembly_fragment:00983
                     fragment_chain:2"
     misc_feature    57457. .59845
                     /note="assembly_fragment:01129
                     fragment_chain:2"
     misc_feature    59946. .63972
                     /note="assembly_fragment:01207
                     fragment_chain:3"
     misc_feature    64073. .82711
                     /note="assembly_fragment:00301
                     fragment_chain:3"
```

```
     misc_feature    82812. .111814
                     /note="assembly_fragment:00470"
     misc_feature    111915. .120276
                     /note="assembly_fragment:00783.0"
     misc_feature    120377. .136660
                     /note="assembly_fragment:01014"
     misc_feature    136761. .153913
                     /note="assembly_fragment:01161"
     misc_feature    154014. .158659
                     /note="assembly_fragment:01329"
     misc_feature    158760. .164235
                     /note="assembly_fragment:01675"
     misc_feature    164336. .184996
                     /note="assembly_fragment:01884"
     misc_feature    185097. .193752
                     /note="assembly_fragment:01893"
BASE COUNT    55929 a  40409 c  39996 g  55686 t   1732 others
ORIGIN


  Query Match             98.5%;  Score 10658.6;  DB 2;  Length 193752;
  Best Local Similarity   98.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 10796;  Conservative    0;  Mismatches   27;  Indels   92;  Gaps    4;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16740 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 16681

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16680 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 16621

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16620 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 16561

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16560 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 16501

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16500 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 16441

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16440 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 16381

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16380 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 16321

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16320 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 16261

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16260 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 16201

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16200 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 16141

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16140 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 16081

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16080 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 16021

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   16020 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 15961

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15960 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 15901

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15900 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 15841

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15840 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 15781

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15780 TCTGAATTCTTCACCATTCCTCCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 15721

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15720 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 15661

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15660 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 15601

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15600 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 15541

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15540 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 15481

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15480 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 15421

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15420 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 15361

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15360 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 15301

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15300 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 15241

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15240 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 15181

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15180 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 15121

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15120 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 15061

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15060 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 15001

Qy    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   15000 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 14941

Qy    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```


Db 14940 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 14881
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 14880 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 14821
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 14820 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 14761
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040
Db 14760 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 14701
Qy 2041 ---------- 2040
Db 14700 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 14641
Qy 2041 ----------CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCA 2075
Db 14640 NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNAAGGGGGACTACCATCTGCA 14581
Qy 2076 TGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGTCCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCC 2135
Db 14580 TGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGTCCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCC 14521
Qy 2136 AGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCTAAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCC 2195
Db 14520 AGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCTAAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCC 14461
Qy 2196 TGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAAAATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGA 2255
Db 14460 TGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAAAATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGA 14401
Qy 2256 AGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGAGCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTG 2315
Db 14400 AGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGAGCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTG 14341
Qy 2316 TGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTAACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTC 2375
Db 14340 TGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTAACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTC 14281
Qy 2376 TGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATGAAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAG 2435
Db 14280 TGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATGAAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAG 14221
Qy 2436 GAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAGAGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGG 2495
Db 14220 GAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAGAGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGG 14161
Qy 2496 GAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAATATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGT 2555
Db 14160 GAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAATATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGT 14101
Qy 2556 TGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGGCTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAA 2615
Db 14100 TGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGGCTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAA 14041
Qy 2616 GGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCC 2675
Db 14040 GGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGAGTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCC 13981
Qy 2676 TTCTCTACAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCT 2735
Db 13980 TTCTCTACAAAAAATACAAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCT 13921
Qy 2736 ACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGC 2795
Db 13920 ACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGC 13861
Qy 2796 CATGACTGTGCCACTGTACTTCAGCCTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACC 2855
Db 13860 CATGACTGTGCCACTGTACTTCAGCCTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACC 13801
Qy 2856 CCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGA 2915
Db 13800 CCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGA 13741
Qy 2916 GCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTT 2975
Db 13740 GCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTT 13681
Qy 2976 GGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTGGGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCC 3035
Db 13680 GGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT-GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCC 13622
Qy 3036 AAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGT 3095
Db 13621 AAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGT 13562
Qy 3096 GGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACTTTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAG 3155
Db 13561 GGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACTTTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAG 13502
Qy 3156 GAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACATGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAT 3215
Db 13501 GAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACATGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAAT 13442
Qy 3216 TAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCTATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGA 3275
Db 13441 TAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCTATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGA 13382
Qy 3276 ATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGGTTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAG 3335
Db 13381 ATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGGTTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAG 13322
Qy 3336 CCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGTCTC-----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 3390
Db 13321 CCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGTCTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAA 13262
Qy 3391 AACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAG 3450
Db 13261 AACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAG 13202
Qy 3451 TTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAG 3510
Db 13201 TTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAG 13142
Qy 3511 TCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGT 3570
Db 13141 TCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGT 13082
Qy 3571 GTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAG 3630
Db 13081 GTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAG 13022
Qy 3631 GACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGC 3690
Db 13021 GACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGC 12962
Qy 3691 AGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGC 3750
Db 12961 AGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGC 12902
Qy 3751 TCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCT 3810
Db 12901 TCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCT 12842
Qy 3811 TGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGA 3870
Db 12841 TGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGA 12782
Qy 3871 TNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCA 3930
Db 12781 TCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCA 12722

```
Qy   3931 GATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTT 3990
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12721 GATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTT 12662

Qy   3991 CTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTT 4050
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12661 CTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTT 12602

Qy   4051 CCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCT 4110
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12601 CCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCT 12542

Qy   4111 GAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTT 4170
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12541 GAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTT 12482

Qy   4171 GGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTT 4230
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12481 GGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTT 12422

Qy   4231 CCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACC 4290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12421 CCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACC 12362

Qy   4291 GAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACA 4350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12361 GAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACA 12302

Qy   4351 CTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCAC 4410
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12301 CTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCAC 12242

Qy   4411 AAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAG 4470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12241 AAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAG 12182

Qy   4471 CAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTC 4530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12181 CAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTC 12122

Qy   4531 TGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGA 4590
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12121 TGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGA 12062

Qy   4591 GTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATC 4650
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12061 GTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATC 12002

Qy   4651 CTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTT 4710
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  12001 CTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTT 11942

Qy   4711 CTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACC 4770
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11941 CTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACC 11882

Qy   4771 AATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGT 4830
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11881 AATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGT 11822

Qy   4831 GGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGA 4890
          ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11821 GGCTCACCCTTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGA 11762

Qy   4891 GTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGC 4950
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11761 GTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGC 11702

Qy   4951 TGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCG 5010
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11701 TGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCG 11642

Qy   5011 CTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTA 5070
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11641 CTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTA 11582

Qy   5071 GGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGA 5130
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11581 GGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGA 11522

Qy   5131 TCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGA 5190
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11521 TCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGA 11462

Qy   5191 AGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCT 5250
          |||||||||| |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11461 AGAATCCTTTA-GTTAAAAGTTTCTTTCATAGNACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCT 11403

Qy   5251 ATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCA 5310
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11402 ATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCC 11343

Qy   5311 TCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAAC 5370
          | |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db  11342 TTTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAAAGGGCAGTTTTATCTATCAGAACAAAGAAC 11283

Qy   5371 ATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCA 5430
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11282 ATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCA 11223

Qy   5431 AGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGT 5490
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11222 AGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGT 11163

Qy   5491 TTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTC 5550
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11162 TTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTC 11103

Qy   5551 TTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCT 5610
          ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11102 TTCCTGGGAAGGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCT 11043

Qy   5611 CCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCC 5670
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11042 CCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCC 10983

Qy   5671 TTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAT 5730
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10982 TTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGAT 10923

Qy   5731 GCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGG 5790
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10922 GCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGG 10863

Qy   5791 ATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCA 5850
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db  10862 ATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAGCAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCA 10803

Qy   5851 GGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGA 5910
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10802 GGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGA 10743

Qy   5911 GAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGG 5970
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10742 GAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGG 10683

Qy   5971 ATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTT 6030
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10682 ATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTT 10623

Qy   6031 CTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTG 6090
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10622 CTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTG 10563

Qy   6091 TTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTT 6150
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10562 TTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTT 10503

Qy   6151 CAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAA 6210
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10502 CAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAA 10443

Qy   6211 GAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGG 6270
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10442 GAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGG 10383

Qy   6271 ACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAA 6330
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10382 ACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAA 10323

Qy   6331 TTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGG 6390
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10322 TTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGG 10263

Qy   6391 GCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAA 6450
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10262 GCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAA 10203

Qy   6451 ATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAG 6510
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10202 ATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAG 10143

Qy   6511 CAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCT 6570
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10142 CAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCT 10083

Qy   6571 TCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCT 6630
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10082 TCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCT 10023

Qy   6631 ACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAAT 6690
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10022 ACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAAT 9963

Qy   6691 AATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTAC 6750
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9962 AATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTAC 9903

Qy   6751 CCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGT 6810
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9902 CCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGT 9843

Qy   6811 CCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGA 6870
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9842 CCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGA 9783

Qy   6871 AAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGT 6930
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9782 AAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGT 9723

Qy   6931 GAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAT 6990
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9722 GAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAAT 9663

Qy   6991 CCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGA 7050
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9662 CCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGA 9603

Qy   7051 GGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGG 7110
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9602 GGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGG 9543

Qy   7111 AGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGT 7170
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9542 AGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGT 9483

Qy   7171 GGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTC 7230
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9482 GGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTC 9423
```

```
Qy   7231 AGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCT 7290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9422 AGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCT 9363

Qy   7291 CTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA 7350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9362 CTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGA 9303

Qy   7351 TCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAG 7410
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9302 TCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAG 9243

Qy   7411 GCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATT 7470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9242 GCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATT 9183

Qy   7471 TTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAA 7530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9182 TTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAA 9123

Qy   7531 AGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTA 7590
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9122 AGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTA 9063

Qy   7591 TGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAAC 7650
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9062 TGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAAC 9003

Qy   7651 TCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTA 7710
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9002 TCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTA 8943

Qy   7711 TGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTA 7770
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8942 TGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTA 8883

Qy   7771 TCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTT 7830
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8882 TCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTT 8823

Qy   7831 GTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATG 7890
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8822 GTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATG 8763

Qy   7891 GTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCT 7950
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8762 GTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCT 8703

Qy   7951 ACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACT 8010
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8702 ACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACT 8643

Qy   8011 TCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATA 8070
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8642 TCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATA 8583

Qy   8071 ATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGG 8130
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8582 ATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGG 8523

Qy   8131 CCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATC 8190
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8522 CCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATC 8463

Qy   8191 ACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAA 8250
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8462 ACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAA 8403

Qy   8251 ATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCT 8310
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8402 ATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCT 8343
```

```
Qy   8311 GAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCA 8370
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8342 GAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCA 8283

Qy   8371 CTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATA 8430
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8282 CTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATA 8223

Qy   8431 AAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGA 8490
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8222 AAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGA 8163

Qy   8491 AACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCA 8550
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8162 AACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCA 8103

Qy   8551 GTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATT 8610
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8102 GTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATT 8043

Qy   8611 GTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGA 8670
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8042 GTGTTTCTTCTGAATGAGCTTGAATCACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGA 7983

Qy   8671 TCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCC 8730
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7982 TCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCC 7923

Qy   8731 TTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAAT 8790
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7922 TTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAAT 7863

Qy   8791 TGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG 8850
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7862 TGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTG 7803

Qy   8851 CCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATT 8910
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7802 CCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATT 7743

Qy   8911 TTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGA 8970
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7742 TTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGA 7683

Qy   8971 GCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCT 9030
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7682 GCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCT 7623

Qy   9031 AGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCT 9090
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7622 AGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCT 7563

Qy   9091 ATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGG 9150
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7562 ATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGG 7503

Qy   9151 TTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCA 9210
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7502 TTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCA 7443

Qy   9211 TGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGG 9270
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7442 TGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGG 7383

Qy   9271 TCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAC 9330
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7382 TCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTAC 7323

Qy   9331 AGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCAT 9390
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7322 AGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCAT 7263

Qy   9391 GTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTC 9450
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7262 GTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTC 7203

Qy   9451 TTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTA 9510
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7202 TTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTA 7143

Qy   9511 AATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAA 9570
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7142 AATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAA 7083

Qy   9571 AAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAA 9630
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7082 AAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAA 7023

Qy   9631 TACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACC 9690
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7022 TACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACC 6963

Qy   9691 TGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTA 9750
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db   6962 TGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTACATTGTATTGTA 6903

Qy   9751 TACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCA 9810
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6902 TACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCA 6843

Qy   9811 TTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCA 9870
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6842 TTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCA 6783

Qy   9871 TTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGT 9930
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6782 TTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGT 6723

Qy   9931 TGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCT 9990
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6722 TGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCT 6663

Qy   9991 CTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACC 10050
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6662 CTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACC 6603

Qy  10051 TCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTAT 10110
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6602 TCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTAT 6543

Qy  10111 TTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAAC 10170
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6542 TTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAAC 6483

Qy  10171 ACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCC 10230
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6482 ACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCC 6423

Qy  10231 TCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAG 10290
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6422 TCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAG 6363

Qy  10291 GTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAA 10350
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6362 GTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAA 6303

Qy  10351 ACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGT 10410
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6302 ACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGT 6243

Qy  10411 ACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAAT 10470
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6242 ACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAAT 6183

Qy  10471 AAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATT 10530
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    6182 AAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATT 6123

Qy   10531 TGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATT 10590
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6122 TGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATT 6063

Qy   10591 GCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTG 10650
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6062 GCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTG 6003

Qy   10651 AGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTG 10710
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    6002 AGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTG 5943

Qy   10711 TATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACT 10770
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5942 TATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACT 5883

Qy   10771 CACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    5882 CACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 5828


RESULT 14
HSU91328/c
LOCUS       HSU91328              246282 bp    DNA     linear   PRI 17-DEC-2001
DEFINITION  Human hereditary haemochromatosis region, histone 2A-like protein
            gene, hereditary haemochromatosis (HLA-H) gene, RoRet gene, and
            sodium phosphate transporter (NPT3) gene, complete cds.
ACCESSION   U91328
VERSION     U91328.1  GI:2088550
KEYWORDS    .
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 246282)
  AUTHORS   Ruddy,D.A., Kronmal,G.S., Lee,V.K., Mintier,G.A., Quintana,L.,
            Domingo,R. Jr., Meyer,N.C., Irrinki,A., McClelland,E.E., Fullan,A.,
            Mapa,F.A., Moore,T., Thomas,W., Loeb,D.B., Harmon,C.,
            Tsuchihashi,Z., Wolff,R.K., Schatzman,R.C. and Feder,J.N.
  TITLE     A 1.1-Mb transcript map of the hereditary hemochromatosis locus
  JOURNAL   Genome Res. 7 (5), 441-456 (1997)
  MEDLINE   97294057
   PUBMED   9149941
REFERENCE   2  (bases 1 to 246282)
  AUTHORS   Ruddy,D.A., Kronmal,G.S., Lee,V.K., Mintier,G.A., Quintana,L.,
            Domingo,R. Jr., Meyer,N.C., Irrinke,A., McClelland,E., Fullan,A.,
            Mapa,F.A., Moore,T., Thomas,W., Loeb,D.B., Harmon,C.,
            Tsuchihashi,Z., Wolff,R.K., Schatzman,R.C. and Feder,J.N.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (26-FEB-1997) Sequencing, Mercator Genetics, 4040
            Campbell Avenue, Menlo Park, CA 94025, USA
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .246282
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="pac222k22; pac75I14; bac132a2"
     repeat_region   complement(1231. .1501)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   3528. .3676
                     /rpt_family="MER3"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   4056. .4304
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(5496. .5780)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   6032. .6461
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   8203. .8463
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   8507. .8616
                     /rpt_family="MSTAR"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(8888. .9194)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(9523. .9792)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   10109. .10375
                     /rpt_family="MSTAR"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(10384. .10680)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   11482. .11742
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(12899. .13326)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   15021. .15309
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(15450. .15714)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     CDS             complement(16434. .16826)
                     /codon_start=1
                     /product="histone 2A-like protein"
                     /protein_id="AAB82086.1"
                     /db_xref="GI:2088554"
                     /translation="MSGRGKQGGKARAKAKSRSSRAGLQFPVGRVHRLLRKGNYAERV
                     GAGAPVYLAAVLEYLTAEILELAGNAARDNKKTRIIPRHLQLAIRNDEELNKLLGRVT
                     IAQGGVLPNIQAVLLPKKTESHHKAKGK"
     repeat_region   complement(18988. .19282)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(20597. .20869)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(24343. .24624)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   25654. .25805
                     /rpt_family="MIR"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   29842. .29938
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(30592. .30869)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   31223. .31507
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(31819. .32011)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   33810. .34150
                     /rpt_family="MER1"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   34235. .34314
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(35768. .36062)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
     repeat_region   complement(36267. .36548)
                     /rpt_family="Alu"
```

```
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        39132. .39252
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(40045. .40645)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        40960. .41246
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        41581. .42174
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        42432. .42541
                     /rpt_family="MIR"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        44636. .44911
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(45532. .45851)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
gene                 complement(46833. .53618)
                     /gene="HLA-H"
                     /note="HFE"
CDS                  complement(join(46833. .46873,47827. .47940,48099. .48374,
                     49470. .49745,49955. .50218,53543. .53618))
                     /gene="HLA-H"
                     /codon_start=1
                     /product="hereditary hemochromatosis"
                     /protein_id="AAB82083.1"
                     /db_xref="GI:2088551"
                     /translation="MGPRARPALLLLMLLQTAVLQGRLLRSHSLHYLFMGASEQDLGL
                     SLFEALGYVDDQLFVFYDHESRRVEPRTPWVSSRISSQMWLQLSQSLKGWDHMFTVDF
                     WTIMENHNHSKESHTLQVILGCEMQEDNSTEGYWKYGYDGQDHLEFCPDTLDWRAAEP
                     RAWPTKLEWERHKIRARQNRAYLERDCPAQLQQLLELGRGVLDQQVPPLVKVTHHVTS
                     SVTTLRCRALNYYPQNITMKWLKDKQPMDAKEFEPKDVLPNGDGTYQGWITLAVPPGE
                     EQRYTCQVEHPGLDQPLIVIWEPSPSGTLVIGVISGIAVFVVILFIGILFIILRKRQG
                     SRGAMGHYVLAERE"
repeat_region        complement(48868. .49182)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(50599. .50888)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(51145. .51372)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        51820. .51934
                     /rpt_family="MER20"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        55276. .55719
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(56085. .56461)
                     /rpt_family="L1"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(56521. .56801)
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        57660. .57815
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        58118. .58483
                     /rpt_family="MLT1"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        58672. .58900
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(59299. .59737)
                     /rpt_family="LTR2"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        complement(65665. .66013)
                     /rpt_family="LTR2"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        66764. .67053
                     /rpt_family="Alu"
                     /rpt_type=dispersed
repeat_region        67743. .68016
```

```
Query Match             69.7%;  Score 7542;  DB 9;  Length 246282;
Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
Matches 10822;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53978 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 53919

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53918 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 53859

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53858 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 53799

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53798 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 53739

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53738 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 53679

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53678 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 53619

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53618 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 53559

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53558 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 53499

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53498 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 53439

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53438 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 53379

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53378 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 53319

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53318 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 53259

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53258 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 53199

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53198 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 53139

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   53138 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 53079

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  53078 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 53019

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  53018 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 52959

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52958 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 52899

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52898 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 52839

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52838 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 52779

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52778 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 52719

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52718 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 52659

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52658 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 52599

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52598 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 52539

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52538 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 52479

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52478 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 52419

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52418 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 52359

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52358 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 52299

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52298 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 52239

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52238 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 52179

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52178 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 52119

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52118 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 52059

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  52058 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 51999

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51998 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 51939
```

```
Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51938 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 51879

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51878 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 51819

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51818 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 51759

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51758 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 51699

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51698 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 51639

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51638 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 51579

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51578 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 51519

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51518 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 51459

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51458 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 51399

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51398 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 51339

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51338 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 51279

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51278 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 51219

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51218 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 51159

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51158 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 51099

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51098 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 51039

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  51038 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 50978

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50979 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 50920

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50919 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 50860
```

```
Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50859 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 50800

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50799 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 50740

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50739 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 50680

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50679 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 50620

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50619 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 50560

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50559 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 50500

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50499 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 50440

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50439 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 50380

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50379 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 50320

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50319 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 50260

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50259 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 50200

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50199 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 50140

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db  50139 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 50080

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50079 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 50020

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  50019 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 49960

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49959 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 49900

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49899 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 49840

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49839 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 49780

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49779 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 49720

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49719 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 49660

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49659 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 49600

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49599 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 49540

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49539 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 49480

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49479 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 49420

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49419 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 49360

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49359 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 49300

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49299 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 49240

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49239 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 49180

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49179 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 49120

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49119 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 49060

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  49059 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 49000

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48999 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 48940

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48939 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 48880

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48879 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 48820

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48819 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 48760

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48759 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 48700

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  48699 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 48640

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48639 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 48580

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48579 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 48520

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48519 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 48460

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48459 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 48400

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48399 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 48340

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48339 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 48280

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48279 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 48220

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48219 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 48160

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48159 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 48100

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48099 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 48040

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  48039 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 47980

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47979 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 47920

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47919 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 47860

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47859 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 47800

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47799 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 47740

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47739 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 47680

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47679 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 47620

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47619 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 47560

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47559 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 47500

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47499 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 47440

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47439 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 47380

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47379 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 47320

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47319 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 47260

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47259 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 47200

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47199 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 47140

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47139 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 47080

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47079 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 47020

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47019 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 46960

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46959 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 46900

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46899 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 46840

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46839 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 46780

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46779 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 46720

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46719 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 46660

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46659 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 46600

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46599 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 46540

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46539 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 46480
```

```
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46479 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 46420

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46419 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 46360

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46359 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 46300

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46299 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 46240

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46239 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 46180

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46179 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 46120

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46119 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 46060

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46059 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 46000

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45999 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 45940

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45939 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 45880

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45879 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 45820

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45819 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 45760

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45759 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 45700

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45699 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 45640

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45639 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 45580

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45579 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 45520

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45519 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 45460

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45459 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 45400

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45399 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 45340

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45339 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 45280

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45279 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 45220

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45219 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 45160

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45159 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 45100

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45099 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 45040

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45039 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 44980

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44979 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 44920

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44919 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 44860

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44859 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 44800

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44799 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 44740

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44739 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 44680

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44679 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 44620

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44619 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 44560

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44559 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 44500

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44499 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 44440

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44439 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 44380

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44379 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 44320

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  44319 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 44260

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44259 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 44200

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44199 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 44140

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44139 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 44080

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44079 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 44020

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44019 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 43960

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43959 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 43900

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43899 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 43840

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43839 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 43780

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43779 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 43720

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43719 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 43660

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43659 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 43600

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43599 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 43540

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43539 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 43480

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43479 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 43420

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43419 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 43360

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43359 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 43300

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43299 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 43240

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43239 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 43180

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  43179 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 43155
```

```
RESULT  15
AL353759
LOCUS       AL353759              101099 bp    DNA     linear   PRI 05-SEP-2001
DEFINITION  Human DNA sequence from clone RP1-221C16 on chromosome 6. Contains
            the 3' part of the HFE gene for haemochromatosis protein, two genes
            for novel histone 4 family members, two genes for novel histone 1
            family members, three genes for novel histone 2B family members, a
            gene for a novel histone 2A family member, a novel pseudogene,
            STSs, GSSs, ESTs and CpG islands, complete sequence.
ACCESSION   AL353759
VERSION     AL353759.8  GI:8745068
KEYWORDS    HTG; CpG island; H1; H2A; H2B; H4; haemochromatosis; HFE; histone.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 101099)
  AUTHORS   Williams,S.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (05-SEP-2001) Sanger Centre, Hinxton, Cambridgeshire,
            CB10 1SA, UK. E-mail enquiries: humquery@sanger.ac.uk Clone
            requests: clonerequest@sanger.ac.uk
COMMENT     On Jun 26, 2000 this sequence version replaced gi:8655345.
            During sequence assembly data is compared from overlapping clones.
            Where differences are found these are annotated as variations
            together with a note of the overlapping clone name. Note that the
            variation annotation may not be found in the sequence submission
            corresponding to the overlapping clone, as we submit sequences with
            only a small overlap as described above.
            The following abbreviations are used to associate primary accession
            numbers given in the feature table with their source databases:
            Em:, EMBL; Sw:, SWISSPROT; Tr:, TREMBL; Wp:, WORMPEP; Information
            on the WORMPEP database can be found at
            http://www.sanger.ac.uk/Projects/C_elegans/wormpep This sequence
            was generated from part of bacterial clone contigs of human
            chromosome 6, constructed by the Sanger Centre Chromosome 6 Mapping
            Group.  Further information can be found at
            http://www.sanger.ac.uk/HGP/Chr6
            This sequence was finished as follows unless otherwise noted: all
            regions were either double-stranded or sequenced with an alternate
            chemistry or covered by high quality data (i.e., phred quality >=
            30); an attempt was made to resolve all sequencing problems, such
            as compressions and repeats; all regions were covered by at least
            one plasmid subclone or more than one M13 subclone; and the
            assembly was confirmed by restriction digest. RP1-221C16 is from
            the library RPCI-1 constructed by the group of Pieter de Jong. For
            further details see
            http://www.chori.org/bacpac/home.htm
            VECTOR: pCYPAC2
            IMPORTANT: This sequence is not the entire insert of clone
            RP1-221C16 It may be shorter because we sequence overlapping
            sections only once, except for a short overlap.
            The true left end of clone RP1-221C16 is at 1 in this sequence. The
            true left end of clone RP1-34B20 is at 101000 in this sequence.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .101099
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /chromosome="6"
                     /clone="RP1-221C16"
                     /clone_lib="RPCI-1"
     repeat_region   204. .414
                     /note="L2 repeat: matches 2026. .2276 of consensus"
     mRNA            join(<533. .1426,2581. .3176)
                     /gene="HFE"
                     /note="exon 1 lacks canonical 3' splice site
                     match: cDNAs: Em:U60319
```

```
                match: ESTs: Em:N93736 Em:R07696 Em:R47761 Em:AI763178
                Em:R07647 Em:R50398 Em:AI127651 Em:AA876054 Em:AA319758
                Em:AI949947 Em:AI122894 Em:AI040303 Em:AW469921"
                /product="dJ221C16.10.1 (hemochromatosis protein)"
                /evidence=not_experimental
mRNA            <533. .577
                /gene="HFE"
                /note="isoform 2, splice variant delE2(14E4)
                match: cDNAs: Em:AF079407 Em:AF079409 Em:AF079408"
                /product="dJ221C16.10.2 (haemochromatosis protein)"
                /evidence=not_experimental
gene            533. .3176
                /gene="HFE"
CDS             <533. .573
                /gene="HFE"
                /note="isoform 1
                match: proteins: Sw:Q30201"
                /codon_start=3
                /evidence=not_experimental
                /product="dJ221C16.10.1 (hemochromatosis protein)"
                /protein_id="CAC14161.1"
                /db_xref="GI:10944580"
                /db_xref="SPTREMBL:Q9H4X3"
                /translation="GAMGHYVLAERE"
repeat_region   1127. .1305
                /note="MER91B repeat: matches 12. .174 of consensus"
repeat_region   1427. .1554
                /note="MIR repeat: matches 121. .241 of consensus"
repeat_region   1555. .1862
                /note="AluY repeat: matches 1. .308 of consensus"
repeat_region   1863. .1944
                /note="MIR repeat: matches 38. .121 of consensus"
misc_feature    complement(2103. .2404)
                /note="match: STS: Em:G22425"
repeat_region   2495. .2780
                /note="AluSg repeat: matches 1. .294 of consensus"
polyA_signal    3135. .3140
                /gene="HFE"
polyA_signal    3155. .3160
                /gene="HFE"
polyA_site      3176
                /gene="HFE"
misc_feature    3403. .3463
                /note="Single clone region. Sequence confirmed by U91328
                and assembly confirmed by restriction digest."
repeat_region   4717. .4799
                /note="L1MA4A repeat: matches 6189. .6275 of consensus"
repeat_region   4816. .4979
                /note="MIR repeat: matches 90. .257 of consensus"
repeat_region   5232. .5532
                /note="AluSx repeat: matches 1. .298 of consensus"
repeat_region   5547. .5825
                /note="AluJo repeat: matches 1. .295 of consensus"
repeat_region   6160. .6457
                /note="AluSg repeat: matches 1. .299 of consensus"
misc_feature    complement(6443. .6725)
                /note="match: GSS: Em:AQ092256"
repeat_region   6751. .6887
                /note="AluJb repeat: matches 1. .131 of consensus"
repeat_region   6888. .7194
                /note="AluSp repeat: matches 1. .311 of consensus"
repeat_region   7195. .7322
                /note="AluJb repeat: matches 131. .260 of consensus"
repeat_region   8012. .8059
                /note="2 copies 24 mer 95% conserved"
repeat_region   8017. .8062
                /note="23 copies 2 mer ac 97% conserved"
repeat_region   8154. .8275
                /note="FLAM_C repeat: matches 9. .127 of consensus"
repeat_region   8276. .8323
                /note="2 copies 24 mer 100% conserved"
misc_feature    8529. .9065
                /note="match: GSS: Em:AQ768314"
misc_feature    8531. .9290
                /note="match: GSS: Em:AQ751497"
mRNA            10279. .10656
                /gene="dJ221C16.1"
                /note="match: ESTs: Em:AA868008 Em:AI589002 Em:AA579847
                Em:AA255502 Em:AW274782 Em:AI630357 Em:AW265281
                Em:AI566845 Em:AI870806 Em:AW274805 Em:AI474172
                Em:AA773487 Em:AA255529 Em:AW005063 Em:AA227555
                Em:AI630581 Em:AA227695 Em:AI362918"
                /product="dJ221C16.1 (novel histone 4 family member)"
                /evidence=not_experimental
gene            10279. .10656
                /gene="dJ221C16.1"
CDS             10294. .10605
                /gene="dJ221C16.1"
                /note="match: proteins: Tr:P91878 Sw:P02304 Sw:P02306
                Sw:P02307 Sw:P02308 Sw:P50566 Sw:Q27443 Sw:P04915
                Sw:P35057 Sw:P35059 Sw:P27996"
                /codon_start=1
                /evidence=not_experimental
                /product="dJ221C16.1 (novel histone 4 family member)"
                /protein_id="CAC04128.1"
                /db_xref="GI:9863664"
                /translation="MSGRGKGGKGLGKGGAKRHRKVLRDNIQGITKPAIRRLARRGGV
                KRISGLIYEETRGVLKVFLENVIRDAVTYTEHAKRKTVTAMDVVYALKRQGRTLYGFG
                G"
polyA_site      10636
                /gene="dJ221C16.1"
polyA_site      10656
                /gene="dJ221C16.1"
repeat_region   10871. .11142
                /note="AluSg repeat: matches 2. .305 of consensus"
repeat_region   11339. .11633
                /note="AluSg1 repeat: matches 3. .300 of consensus"
repeat_region   13069. .13240
                /note="AluJo repeat: matches 114. .311 of consensus"
repeat_region   13241. .13590
                /note="MER1B repeat: matches 1. .337 of consensus"
repeat_region   13591. .13667
                /note="AluJo repeat: matches 44. .114 of consensus"
gene            complement(13811. .14476)
                /gene="dJ221C16.2"
CDS             complement(13811. .14476)
                /gene="dJ221C16.2"
                /note="match: proteins: Sw:P06893 Sw:P43274 Sw:P40286
                Sw:P43275 Sw:P06348 Sw:P06349 Sw:P43277 Sw:P10412
                Tr:Q9QVB5 Sw:P06350 Sw:P15865 Tr:Q91369 Sw:P16402
                Sw:P16403 Sw:P02251 Sw:P02252 Sw:Q07133 Sw:P22492
                Sw:P15864"
                /codon_start=1
                /evidence=not_experimental
                /product="dJ221C16.2 (novel histone 1 family member)"
                /protein_id="CAC04129.1"
                /db_xref="GI:9863665"
                /db_xref="SPTREMBL:Q9H4X2"
                /translation="MLFAGYYILRFSVVMSETVPAASASAGLAAMEKLPTKKRGRKPA
                GLISASRKVPNLSVSKLITEALSVSQERVGMSLVALKKALAAAGYDVEKNNSRIKLSL
                KSLVNKGILVQTRGTGASGSFKLSKKVIPKSTRSKAKKSVSAKTKKLVLSRDSKSPKT
                AKTNKRAKKPRATTPKTVRSGRKAKGAKGKQKQKSPVKARASKSKLTQHHEVNVRKAT
                SKK"
repeat_region   15369. .15581
                /note="AluJo repeat: matches 1. .261 of consensus"

  Query Match             39.3%;  Score 4251;  DB 9;  Length 101099;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 4251;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    6575 GATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACAC 6634
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 GATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACAC 60

Qy    6635 AGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATT 6694
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      61 AGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATT 120

Qy    6695 ACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCC 6754
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 ACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCC 180

Qy    6755 TGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAA 6814
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 TGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAA 240

Qy    6815 GGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGG 6874
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 GGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGG 300

Qy    6875 AGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGG 6934
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 AGGACCACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGG 360

Qy    6935 AGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAA 6994
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 AGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAA 420

Qy    6995 TAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCA 7054
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 TAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCA 480

Qy    7055 AGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCC 7114
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 AGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCC 540

Qy    7115 ATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGA 7174
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 ATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGA 600

Qy    7175 AGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGA 7234
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 AGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGA 660

Qy    7235 GAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGT 7294
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 GAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGT 720

Qy    7295 TCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCC 7354
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCC 780

Qy    7355 TAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTT 7414
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 TAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTT 840

Qy    7415 CCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTG 7474
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 CCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTG 900

Qy    7475 GAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCT 7534
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCT 960

Qy    7535 TTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCA 7594
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCA 1020

Qy    7595 TTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCAT 7654
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 TTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCAT 1080

Qy    7655 CTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAA 7714
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 CTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAA 1140

Qy    7715 GGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTG 7774
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 GGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTG 1200

Qy    7775 TGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGA 7834
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGA 1260

Qy    7835 AGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGC 7894
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 AGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGC 1320

Qy    7895 CTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCT 7954
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 CTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCT 1380

Qy    7955 GGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGT 8014
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 GGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGT 1440

Qy    8015 GTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTC 8074
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 GTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTC 1500

Qy    8075 TATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGG 8134
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 TATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGG 1560

Qy    8135 GCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGA 8194
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 GCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGA 1620

Qy    8195 GGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAC 8254
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 GGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATAC 1680

Qy    8255 AAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGG 8314
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGG 1740

Qy    8315 CAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGC 8374
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 CAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGC 1800

Qy    8375 ACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAA 8434
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 ACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAA 1860

Qy    8435 AATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACA 8494
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 AATGAAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACA 1920

Qy    8495 GGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAG 8554
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 GGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAG 1980

Qy    8555 TTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGT 8614
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 TTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGT 2040

Qy    8615 TTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCT 8674
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 TTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCT 2100

Qy    8675 CAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGC 8734
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGC 2160

Qy    8735 TCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGT 8794
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 TCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGT 2220

Qy    8795 GGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTC 8854
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 GGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTC 2280
```

```
Qy   8855 TGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGA 8914
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 TGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGA 2340

Qy   8915 GATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCA 8974
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 GATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCA 2400

Qy   8975 CTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGAT 9034
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 CTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGAT 2460

Qy   9035 TCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTG 9094
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 TCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTG 2520

Qy   9095 CCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCA 9154
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 CCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCA 2580

Qy   9155 AGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCC 9214
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 AGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCC 2640

Qy   9215 CGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTC 9274
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 CGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTC 2700

Qy   9275 GAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGT 9334
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGT 2760

Qy   9335 GTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGT 9394
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 GTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGT 2820

Qy   9395 TTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGA 9454
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 TTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGA 2880

Qy   9455 AGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATT 9514
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 AGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATT 2940

Qy   9515 TTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGT 9574
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGT 3000

Qy   9575 TATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACA 9634
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 TATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACA 3060

Qy   9635 ATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTT 9694
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 ATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTT 3120

Qy   9695 AGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACT 9754
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 AGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACT 3180

Qy   9755 GCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTT 9814
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 GCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTT 3240

Qy   9815 GGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCA 9874
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 GGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCA 3300

Qy   9875 ACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTA 9934
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 ACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTA 3360

Qy   9935 AGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCT 9994
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 AGACATTGGTTATTTTACCAGCAAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCT 3420

Qy   9995 TAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCAT 10054
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TAATATCTTACTATACTGAAAGCAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCAT 3480

Qy   10055 AAGGAATATGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCA 10114
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 AAGGAATATGTTACAATTAATTTATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCA 3540

Qy   10115 CCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACAT 10174
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACAT 3600

Qy   10175 TTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCAT 10234
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 TTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCAT 3660

Qy   10235 TTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCA 10294
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 TTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCA 3720

Qy   10295 ACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCA 10354
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 ACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCA 3780

Qy   10355 TTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCA 10414
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 TTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCA 3840

Qy   10415 CGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAG 10474
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAG 3900

Qy   10475 AATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAG 10534
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 AATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAG 3960

Qy   10535 AAAACAAACAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTG 10594
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AAAACAAACAAGAAACTACTTACCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTG 4020

Qy   10595 AGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTC 10654
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 AGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTC 4080

Qy   10655 AAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATT 10714
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 AAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATT 4140

Qy   10715 ATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACA 10774
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 ATAATAATGTCATCTTATAATACTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACA 4200

Qy   10775 CACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 CACATTTAAAAACAAAACACTGTCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 4251
```

Search completed: June 19, 2002, 22:41:45
Job time: 29342 sec

GenCore version 4.5
Copyright (c) 1993 - 2000 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: June 19, 2002, 14:28:33 ; Search time 993.62 Seconds
(without alignments)
18704.936 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-957-1
Perfect score: 10825
Sequence: 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATT.....TCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 1736436 seqs, 858457221 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 3472872

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : N_Geneseq_032802:*
1: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1980.DAT:*
2: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1981.DAT:*
3: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1982.DAT:*
4: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1983.DAT:*
5: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1984.DAT:*
6: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1985.DAT:*
7: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1986.DAT:*
8: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1987.DAT:*
9: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1988.DAT:*
10: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1989.DAT:*
11: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1990.DAT:*
12: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1991.DAT:*
13: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1992.DAT:*
14: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1993.DAT:*
15: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1994.DAT:*
16: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1995.DAT:*
17: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1996.DAT:*
18: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1997.DAT:*
19: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1998.DAT:*
20: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA1999.DAT:*
21: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA2000.DAT:*
22: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA2001A.DAT:*
23: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA2001B.DAT:*
24: /SIDS1/gcgdata/hold-geneseq/geneseqn-embl/NA2002.DAT:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

	Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
	1	10823	100.0	10825	22	AAC68425	Human hereditary h
	2	10823	100.0	10825	22	AAC68426	Human hereditary h
	3	10823	100.0	10825	22	AAC68427	Human hereditary h
	4	10823	100.0	10825	22	AAC68428	Human hereditary h
	5	10816.6	99.9	10825	18	AAT96690	Hereditary haemoch
	6	10759.8	99.4	12146	21	AAA96794	Genomic DNA of a h
c	7	10707	98.9	237326	19	AAV57903	Hereditary haemoch
	8	5724.8	52.9	5749	22	AAL36747	Human musculoskele
c	9	3109	28.7	235033	19	AAV57926	Hereditary haemoch
	10	2556.4	23.6	8622	24	ABL34142	Human immune syste
c	11	2248.8	20.8	8622	24	ABL34143	Human immune syste
	12	1712	15.8	1712	22	AAL36748	Human musculoskele
	13	1051.6	9.7	2506	21	AAA96769	cDNA sequence enco
	14	1051.6	9.7	2727	19	AAV23525	Haemochromatosis g
	15	516	4.8	517	22	AAC68440	Human hereditary h
	16	516	4.8	517	22	AAC68441	Human hereditary h
	17	429	4.0	1110	22	AAL36752	Human musculoskele
c	18	395.2	3.7	12127	22	ABA08204	Human ovarian and
c	19	395.2	3.7	12127	22	AAL07512	Human reproductive
c	20	395.2	3.7	12127	22	AAS28679	Genomic sequence #
	21	384	3.5	384	22	AAL36751	Human musculoskele
	22	358	3.3	359	20	AAX16055	Hereditary hemochr
	23	357.6	3.3	161425	22	AAH02340	Human AKAP10 gene
	24	357.6	3.3	162025	22	AAH02339	Human AKAP10 gene
	25	355.8	3.3	14796	19	AAV27941	Survivin gene. Ho
	26	355.8	3.3	14796	22	AAS21523	DNA encoding human
	27	355.8	3.3	14796	22	AAH47531	Human Her-3 genomi
	28	355	3.3	48045	22	AAK84730	Human immune/haema
	29	355	3.3	48045	22	AAK85984	Human immune/haema
	30	351.2	3.2	32190	22	AAS36709	Human cardiovascul
	31	347.8	3.2	48037	22	AAK84729	Human immune/haema
	32	347.8	3.2	48037	22	AAK85983	Human immune/haema
	33	344	3.2	12169	22	AAK81443	Human immune/haema
c	34	344	3.2	23164	22	AAK79678	Human immune/haema
	35	338.6	3.1	14781	22	AAL36303	Human musculoskele
c	36	337.6	3.1	31885	22	ABA19143	Human nervous syst
	37	337.6	3.1	31885	22	AAL36165	Human musculoskele
c	38	337.6	3.1	31885	22	AAL36176	Human musculoskele
	39	337.6	3.1	31885	22	AAL04523	Human reproductive
c	40	337.6	3.1	31885	22	AAS28341	Genomic sequence #
	41	337.6	3.1	52845	22	AAK71437	Human immune/haema
c	42	337.2	3.1	32763	22	AAK68779	Human immune/haema
c	43	336.6	3.1	32187	22	AAS32249	Human DNA repair a
c	44	336.4	3.1	12473	22	ABA18817	Human nervous syst
c	45	334.2	3.1	53552	22	AAS13655	Genomic DNA sequen

ALIGNMENTS

RESULT 1
AAC68425
ID AAC68425 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC AAC68425;
XX
DT 21-FEB-2001 (first entry)
XX
DE Human hereditary hemochromatosis DNA.
XX
KW HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN US6140305-A.
XX
PD 31-OCT-2000.
XX
PF 04-APR-1997; 97US-0834497.
XX
PR 04-APR-1996; 96US-0630912.
PR 16-APR-1996; 96US-0632673.
PR 23-MAY-1996; 96US-0652265.
XX
PA (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI Feder JN;
XX
DR WPI; 2001-006341/01.
DR P-PSDB; AAB36869.

XX
PT New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ Sequence 10825 BP; 2998 A; 2253 C; 2648 G; 2926 T; 0 other;

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 22; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaatattta 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacaccccct 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 tttccccgccccccaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 gaaaaatcgaaactagctttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 tcaaccctatccgcaagccccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgcccccctccccggctgt 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttccccaactagaatgcttt 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttccccagtcatctccaaacagg 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 tctgaattcttcaccattccacccacttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaattgttctttt 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttattttactagaagttaact 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 caaatttattcaatggtacactgggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccctttgatattttgcattctagtgggaga 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
```

```
Db  1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 1920
Qy  1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db  1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980
Qy  1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db  1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040
Qy  2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db  2041 cggcgtgggggtgggaaggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2100
Qy  2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db  2101 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160
Qy  2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db  2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220
Qy  2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db  2221 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 2280
Qy  2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db  2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340
Qy  2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db  2341 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 2400
Qy  2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db  2401 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460
Qy  2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db  2461 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520
Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db  2521 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 2580
Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db  2581 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 2640
Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db  2641 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700
Qy  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db  2701 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 2760
Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db  2761 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 2820
Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db  2821 ctaggtgacagagcaagaccctgtctccccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 2880
Qy  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db  2881 tgactttgttctttattttaattttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 2940
Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db  2941 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000
Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db  3001 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3060
Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db  3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 3120
Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db  3121 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 3180
Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db  3181 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240
Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db  3241 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300
Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db  3301 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360
Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db  3361 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420
Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db  3421 tctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac 3480
Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db  3481 attttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat 3540
Qy  3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db  3541 ctgggggcagtgagggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600
Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db  3601 acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaaatgagga 3660
Qy  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db  3661 ccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc 3720
Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Db  3721 ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgcacta 3780
Qy  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Db  3781 cctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgggcta 3840
Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Db  3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatcatgagagtcgccgtgtggagccccgaac 3900
Qy  3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Db  3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtctgaa 3960
Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Db  3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaaccacag 4020
Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Db  4021 caagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatctttc 4080
```

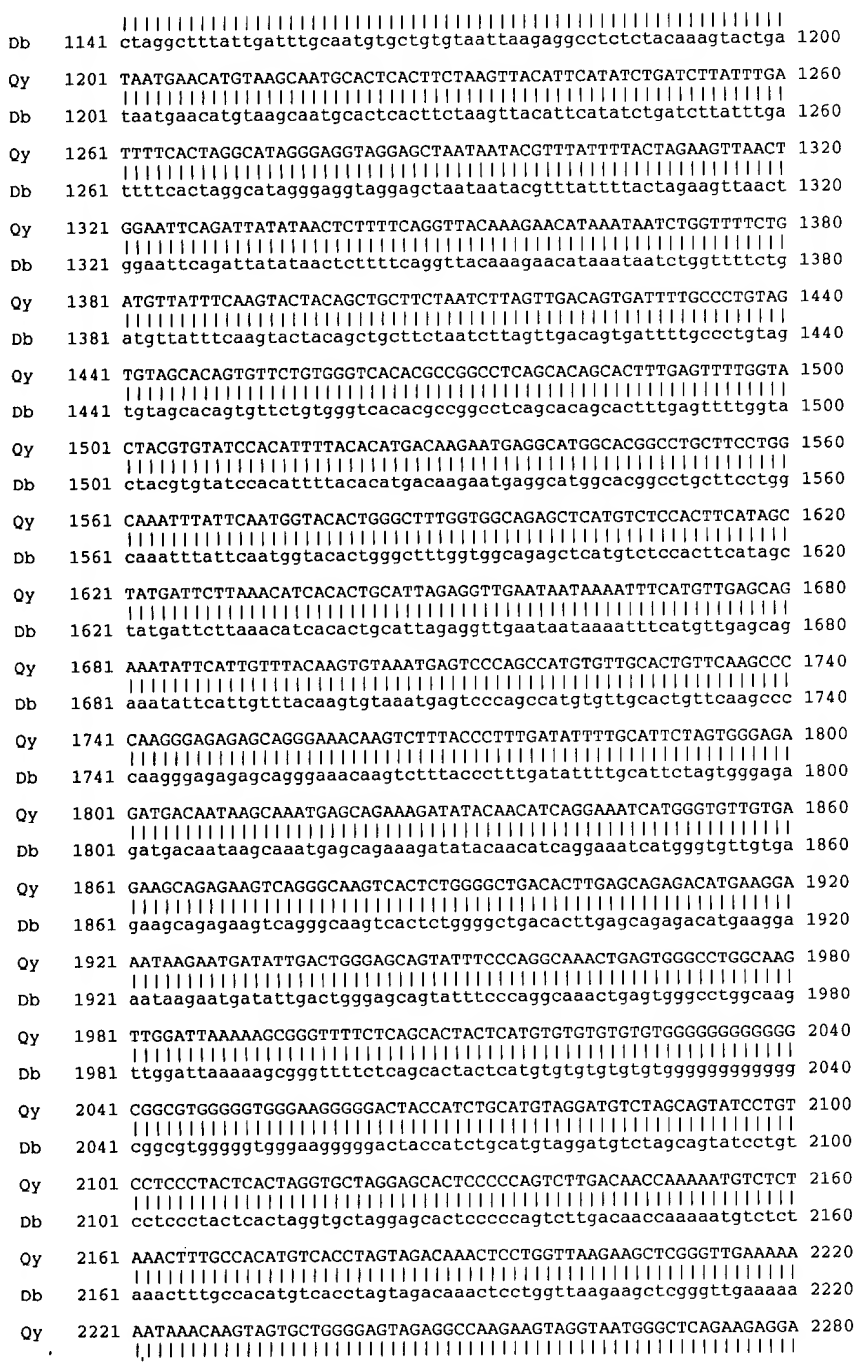
```
Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagggaag 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 gaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctattcctt 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 ggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatgatggg 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 caggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccagggcc 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 tggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggcctac 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 ctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgttttg 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgccctatactctagtggcagagtggagg 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtgcctc 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 tccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctctaccttataattgagatgta 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 tgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctccatgcatatggctcaaagggaa 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctgttaa 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccccctgtaatcccagcactttggg 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 aggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatcttaaaaaa 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 aaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaaagtttctttcat 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcacataa 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 agggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttacatgtg 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 acacaaaatggtgtctctcctgtagcttgttttttttctgaaaagggtatttccttcctcc 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatccccctctc 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 ctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactacccccagaacatcaccatg 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgtattg 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 cccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctggggaagag 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 cagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagccccctcattgtgatctgg 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttaggggtgggctgagg 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 gtggcaatcaaaggctttaacttgcttttctgttttagagccctcaccgtctggcaccc 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattggaattt 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaagggggaagtctct 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
```

```
Db   6241 aagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300
Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360
Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db   6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420
Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db   6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480
Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db   6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaagaatg 6540
Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db   6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggattcca 6600
Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db   6601 ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720
Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db   6721 agctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaaaaga 6780
Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db   6781 gaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtcttttgggatattgggttatga 6840
Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db   6841 tcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatatggtg 6900
Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db   6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataagcat 6960
Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db   6961 ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020
Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db   7021 gtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080
Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db   7081 ctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140
Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db   7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200
Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db   7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260
Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db   7261 gcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat 7320
Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
```

```
Db   7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctcccctggaactg 7380
Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db   7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagag 7440
Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db   7441 acatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgggga 7500
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db   7501 cttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560
Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db   7561 aaccttaccagattttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcct 7620
Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db   7621 ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttc 7680
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db   7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740
Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db   7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagc 7800
Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db   7801 aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttctaattggcatga 7860
Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db   7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtat 7920
Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db   7921 tccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctctccttgttctgataatgaaa 7980
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db   7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta 8040
Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db   8041 catgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatccccat 8100
Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db   8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc 8160
Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db   8161 agcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220
Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db   8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280
Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db   8281 acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340
Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db   8341 cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtgaga 8400
Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db   8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaagta 8460
```


Qy 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db 8461 tagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg 8520
Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db 8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa 8580
Qy 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db 8581 ggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcacat 8640
Qy 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db 8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaagtc 8700
Qy 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db 8701 cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcattca 8760
Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db 8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820
Qy 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db 8821 ttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880
Qy 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db 8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940
Qy 8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db 8941 gcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaaaa 9000
Qy 9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db 9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060
Qy 9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Db 9061 aaagagtcttttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatgat 9120
Qy 9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Db 9121 ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca 9180
Qy 9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
Db 9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga 9240
Qy 9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
Db 9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccgcc 9300
Qy 9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
Db 9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa 9360
Qy 9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Db 9361 agagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttacttttatgttactacatgcacttg 9420
Qy 9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Db 9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480
Qy 9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Db 9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctcttctt 9540
Qy 9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Db 9541 ttaaaccattttctttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600
Qy 9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Db 9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagccag 9660
Qy 9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Db 9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720
Qy 9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Db 9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780
Qy 9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Db 9781 atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttattttgcttctaattt 9840
Qy 9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Db 9841 ctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900
Qy 9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
Db 9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagcaaac 9960
Qy 9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Db 9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaagcaga 10020
Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Db 10021 ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt 10080
Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Db 10081 aggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140
Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Db 10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200
Qy 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
Db 10201 gttaatttttttaatagaaattttaagtcctcattttctttcggtgtttttaagcttaa 10260
Qy 10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
Db 10261 tttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320
Qy 10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
Db 10321 cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaagagaa 10380
Qy 10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Db 10381 gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440
Qy 10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
Db 10441 cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcactggaa 10500
Qy 10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
Db 10501 atcacttgtagagaaaagcccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag 10560
Qy 10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
Db 10561 ctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacacaacag 10620
Qy 10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgaggactgc 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataatactgt 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825


RESULT  2
AAC68426
ID   AAC68426 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68426;
XX
DT   21-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis 24d1 mutation DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA ) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ,  Drayna DT,  Gnirke A,  Ruddy D,  Tsuchihashi Z,  Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36870.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC   The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC   products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC   having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC   chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC   alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC   therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ   Sequence 10825 BP; 2999 A; 2253 C; 2647 G; 2926 T; 0 other;


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 22;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaatattta 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacacccct 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 tttccccgcccccaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 gaaaaatcgaaactagcttttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 tcaaccctatccgcaagccccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgccccctccccggctgt 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttccccccaactagaatgcttt 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttccccagtcatctccaaacagg 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 tctgaattcttcaccattccacccacttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggccttccccactcttggcaattgttctttt 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
```


Db 1141 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 1261 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttatttttactagaagttaact 1320
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 1440
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 1500
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 1501 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 caaatttattcaatggtacactgggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccttgatattttgcattctagtgggaga 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 cggcgtgggggtgggaaggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 2280
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 2341 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 2400
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 2401 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 2461 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 2521 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 2580
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 2581 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 2640
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 2641 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 2701 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 2760
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 2761 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 2820
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 2821 ctaggtgacagagcaagaccctgtctccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 2880
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 2881 tgactttgttctttatttttaattttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 2940
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 2941 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 3001 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3060
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 3120
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 3121 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 3180
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 3181 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 3241 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 3301 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360

```
Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 tctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 attttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 ctgggggcagtgagggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaaatgagga 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 ccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgcacta 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 cctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgggcta 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatcatgagagtcgccgtgtggagccccgaac 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtctgaa 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaaccacag 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 caagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatcttttc 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagggaag 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 gaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctattcctt 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 ggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatgatggg 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 caggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccagggcc 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 tggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggcctac 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 ctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgttttg 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgcccctatactctagtggcagagtggagg 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtgcctc 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 tccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctctaccttataattgagatgta 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 tgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctccatgcatatggctcaaagggaa 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctgttaa 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccccctgtaatcccagcactttggg 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 aggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatcttaaaaaa 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 aaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaaagtttctttcat 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcacataa 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 agggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttacatgtg 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 acacaaaatggtgtctctcctgtagcttgttttttctgaaaagggtatttccttcctcc 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
```

```
Db   5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatcccctctc 5580
Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db   5581 ctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640
Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db   5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccagaacatcaccatg 5700
Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db   5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgtattg 5760
Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db   5761 cccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctggggaagag 5820
Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db   5821 cagagatatacgtaccaggtggagcacccaggcctggatcagcccctcattgtgatctgg 5880
Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db   5881 ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940
Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db   5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttaggggggtgggctgagg 6000
Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db   6001 gtggcaatcaaaggctttaacttgctttttctgttttagagccctcaccgtctggcaccc 6060
Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db   6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattggaattt 6120
Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db   6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaaggggaagtctct 6180
Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db   6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240
Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db   6241 aagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300
Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360
Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db   6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420
Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db   6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480
Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db   6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaagaatg 6540
Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db   6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggattcca 6600
Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db   6601 ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720
Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db   6721 agctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaaaaga 6780
Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db   6781 gaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtcttttgggatattgggttatga 6840
Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db   6841 tcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatatggtg 6900
Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db   6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataagcat 6960
Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db   6961 ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020
Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db   7021 gtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080
Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db   7081 ctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140
Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db   7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200
Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db   7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260
Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db   7261 gcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat 7320
Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db   7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctccccctggaactg 7380
Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db   7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagag 7440
Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db   7441 acatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggga 7500
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db   7501 cttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560
Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db   7561 aaccttaccagatttttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcct 7620
Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db   7621 ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttc 7680
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db   7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740
```

```
Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db   7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgttttagc 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db   7801 aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttctaattggcatga 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db   7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtat 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db   7921 tccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctctccttgttctgataatgaaa 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db   7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db   8041 catgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatccccat 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db   8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db   8161 agcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db   8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db   8281 acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db   8341 cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtgaga 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db   8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaagta 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db   8461 tagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db   8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db   8581 ggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcacat 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db   8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaagtc 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db   8701 cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcattca 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db   8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db   8821 ttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db   8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db   8941 gcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaaaa 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db   9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Db   9061 aaagagtctttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatgat 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Db   9121 ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
Db   9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
Db   9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccgcc 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
Db   9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Db   9361 agagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgcacttg 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Db   9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Db   9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctcttctt 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Db   9541 ttaaaccattttctttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Db   9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagccag 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Db   9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Db   9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Db   9781 atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttatttgcttctaattt 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Db   9841 ctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
```

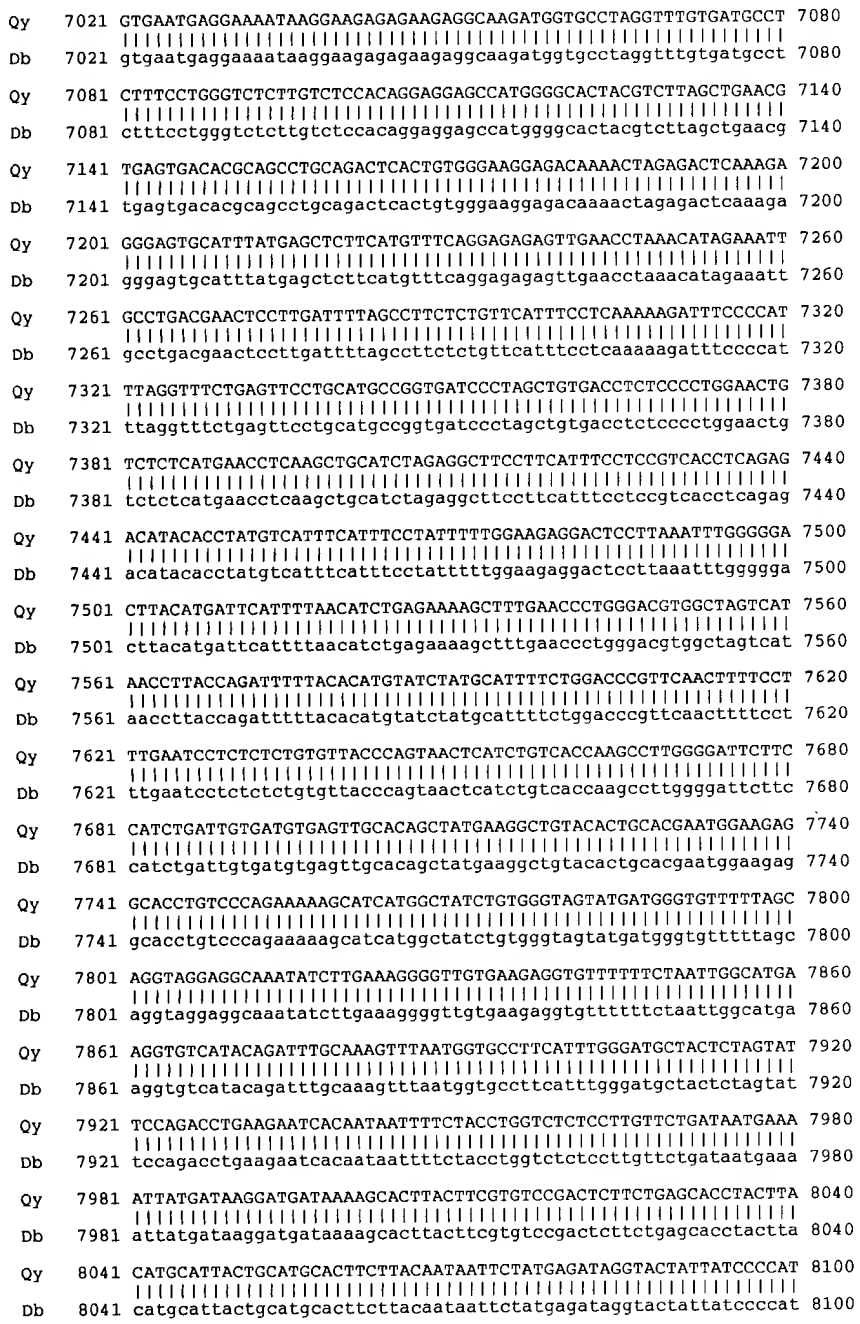
```
Db    9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagcaaac 9960

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Db    9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaagcaga 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Db   10021 ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Db   10081 aggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Db   10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
Db   10201 gttaatttttttaatagaaattttaagtcctcattttctttcggtgtttttttaagcttaa 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
Db   10261 tttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
Db   10321 cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaagagaa 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Db   10381 gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
Db   10441 cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcactggaa 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
Db   10501 atcacttgtagagaaaagcccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
Db   10561 ctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacacaacag 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
Db   10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgaggactgc 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
Db   10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataatactgt 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
Db   10741 cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
Db   10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825


RESULT   3
AAC68427
ID   AAC68427 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAC68427;
XX
DT   21-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   Human hereditary hemochromatosis 24d2 mutation DNA.
XX
KW   HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW   T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   US6140305-A.
XX
PD   31-OCT-2000.
XX
PF   04-APR-1997;   97US-0834497.
XX
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
XX
PA   (BIRA ) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI   Thomas WJ,  Drayna DT,  Gnirke A,  Ruddy D,  Tsuchihashi Z,  Wolff RK;
PI   Feder JN;
XX
DR   WPI; 2001-006341/01.
DR   P-PSDB; AAB36871.
XX
PT   New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT   for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT   chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC   The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC   products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC   having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC   chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC   alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC   therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ   Sequence 10825 BP; 2998 A; 2252 C; 2649 G; 2926 T; 0 other;


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 22;  Length 10825;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
Db       1 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaatttttgaaaatcataaatattta 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Db      61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacacccct 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db     121 tcaggatttaaaaaccaaggggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db     181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db     241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300

Qy     301 TTTCCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db     301 tttccccgccccccaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db     361 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
```

```
Db    421 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 gaaaaatcgaaactagctttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 tcaaccctatccgcaagccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgcccccctccccggctgt 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttccccccaactagaatgcttt 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagttttttccccagtcatctccaaacagg 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 tctgaattcttcaccattccacccacttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaattgttctttt 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttatttttactagaagttaact 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1501 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 caaatttattcaatggtacactgggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccttgatattttgcattctagtgggaga 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 cggcgtgggggtgggaaggggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 2640
```

```
Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 ctaggtgacagagcaagaccctgtctcccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 tgactttgttctttattttaattttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 tctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 attttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 ctgggggcagtgaggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaaatgagga 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 ccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgcacta 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 cctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgggcta 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatgatgagagtcgccgtgtggagccccgaac 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtctgaa 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaaccacag 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 caagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatcttttc 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagggaag 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 gaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctattcctt 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 ggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatgatggg 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 caggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccagggcc 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 tggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggcctac 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 ctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgttttg 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgcccctatactctagtggcagagtggagg 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtgcctc 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 tccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctctaccttataattgagatgta 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 tgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctccatgcatatggctcaaagggaa 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctgttaa 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
```

```
Db  4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcacccctgtaatcccagcactttggg 4860
Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db  4861 aggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920
Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db  4921 acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980
Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db  4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040
Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db  5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatcttaaaaaa 5100
Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db  5101 aaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160
Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db  5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaaagtttctttcat 5220
Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db  5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc 5280
Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db  5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcacataa 5340
Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db  5341 agggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttacatgtg 5400
Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db  5401 aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460
Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db  5461 acacaaaatggtgtctctcctgtagcttgttttttttctgaaaagggtatttccttcctcc 5520
Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db  5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatccccctctc 5580
Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db  5581 ctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctccttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640
Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db  5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccagaacatcaccatg 5700
Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db  5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgtattg 5760
Qy  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db  5761 cccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtaccccctggggaagag 5820
Qy  5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db  5821 cagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagccccctcattgtgatctgg 5880
Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db  5881 ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940
Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db  5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttaggggggtgggctgagg 6000
Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db  6001 gtggcaatcaaaggctttaacttgcttttctgttttagagccctcaccgtctggcaccc 6060
Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db  6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattggaattt 6120
Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db  6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaaggggggaagtctct 6180
Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db  6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240
Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db  6241 aagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300
Qy  6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db  6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360
Qy  6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db  6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420
Qy  6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db  6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480
Qy  6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db  6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaagaatg 6540
Qy  6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db  6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggattcca 6600
Qy  6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db  6601 ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660
Qy  6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db  6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720
Qy  6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db  6721 agctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaaaaga 6780
Qy  6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db  6781 gaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtctttgggatattgggttatga 6840
Qy  6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db  6841 tcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatatggtg 6900
Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db  6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataagcat 6960
Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db  6961 ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020
```


Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 7021 gtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 7081 ctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 7261 gcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat 7320
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctcccctggaactg 7380
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagag 7440
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 7441 acatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggа 7500
Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db 7501 cttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560
Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db 7561 aaccttaccagattttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcct 7620
Qy 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db 7621 ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttc 7680
Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db 7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740
Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db 7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagc 7800
Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db 7801 aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttctaattggcatga 7860
Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db 7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtat 7920
Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db 7921 tccagacctgaagaatcacaataatttttctacctggtctctccttgttctgataatgaaa 7980
Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db 7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta 8040
Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db 8041 catgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatccccat 8100
Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db 8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc 8160
Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db 8161 agcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220
Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db 8221 taacatggtgaaacccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280
Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db 8281 acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340
Qy 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db 8341 cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtgaga 8400
Qy 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db 8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaagta 8460
Qy 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db 8461 tagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg 8520
Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db 8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa 8580
Qy 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db 8581 ggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcacat 8640
Qy 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db 8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaagtc 8700
Qy 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db 8701 cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcattca 8760
Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db 8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820
Qy 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db 8821 ttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880
Qy 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db 8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940
Qy 8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db 8941 gcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaaaa 9000
Qy 9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db 9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060
Qy 9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Db 9061 aaagagtctttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatgat 9120
Qy 9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Db 9121 ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca 9180
Qy 9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

```
Db   9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccgcc 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 agagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgcacttg 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctcttctt 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 ttaaaccatttttctttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagccag 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttattttgcttctaattt 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 ctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagcaaac 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaagcaga 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 aggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 gttaatttttttaatagaaatttaagtcctcattttctttcggtgtttttaagcttaa 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 ttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaagagaa 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcactggaa 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 atcacttgtagagaaaagccccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 ctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacacaacag 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgaggactgc 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataatactgt 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825
```

RESULT 4
AAC68428
ID AAC68428 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC AAC68428;
XX
DT 21-FEB-2001 (first entry)
XX
DE Human hereditary hemochromatosis 24d1/2 mutation DNA.
XX
KW HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW T-cell differentiation factor; iron overload; ds.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN US6140305-A.
XX
PD 31-OCT-2000.
XX
PF 04-APR-1997; 97US-0834497.
XX
PR 04-APR-1996; 96US-0630912.
PR 16-APR-1996; 96US-0632673.
PR 23-MAY-1996; 96US-0652265.
XX
PA (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI Feder JN;
XX
DR WPI; 2001-006341/01.
DR P-PSDB; AAB36872.
XX
PT New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful

PT for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT chelation agent alleviating iron overload -
XX
PS Disclosure; Fig 3; 108pp; English.
XX
CC The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ Sequence 10825 BP; 2999 A; 2252 C; 2648 G; 2926 T; 0 other;

Query Match 100.0%; Score 10823; DB 22; Length 10825;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 10823; Conservative 0; Mismatches 2; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaatattta 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacacccct 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 tttccccgcccccaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 gaaaaatcgaaactagcttttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 tcaaccctatccgcaagccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgcccccctccccggctgt 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttcccccaactagaatgcttt 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db    781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttttccccagtcatctccaaacagg 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 tctgaattcttcaccattccacccactttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaattgttctttt 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttattttactagaagttaact 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 caaatttattcaatggtacactgggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccttttgatattttgcattctagtgggaga 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 1920
```

```
Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 cggcgtgggggtgggaaggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 ctaggtgacagagcaagaccctgtctccccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 tgactttgttctttatttttaattttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 tctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 attttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 ctgggggcagtgagggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcaccccttcacaaaatgagga 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 ccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgcacta 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 cctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgggcta 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatgatgagagtcgccgtgtggagccccgaac 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtctgaa 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaaccacag 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 caagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatctttc 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
```

```
Db  4081 atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagggaag 4140
Qy  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Db  4141 gaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctattcctt 4200
Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Db  4201 tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg 4260
Qy  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Db  4261 ggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatgatggg 4320
Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Db  4321 caggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccagggcc 4380
Qy  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Db  4381 tggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggcctac 4440
Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Db  4441 ctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgttttg 4500
Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Db  4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgccctatactctagtggcagagtggagg 4560
Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Db  4561 aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtgcctc 4620
Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Db  4621 tccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctctaccttataattgagatgta 4680
Qy  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Db  4681 tgagacagccacaagtcatgggtttaatttctttttctccatgcatatggctcaaagggaa 4740
Qy  4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Db  4741 gtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctgttaa 4800
Qy  4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Db  4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccccctgtaatcccagcactttggg 4860
Qy  4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db  4861 aggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920
Qy  4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db  4921 acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980
Qy  4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db  4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040
Qy  5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db  5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatcttaaaaaa 5100
Qy  5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db  5101 aaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160
Qy  5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
```

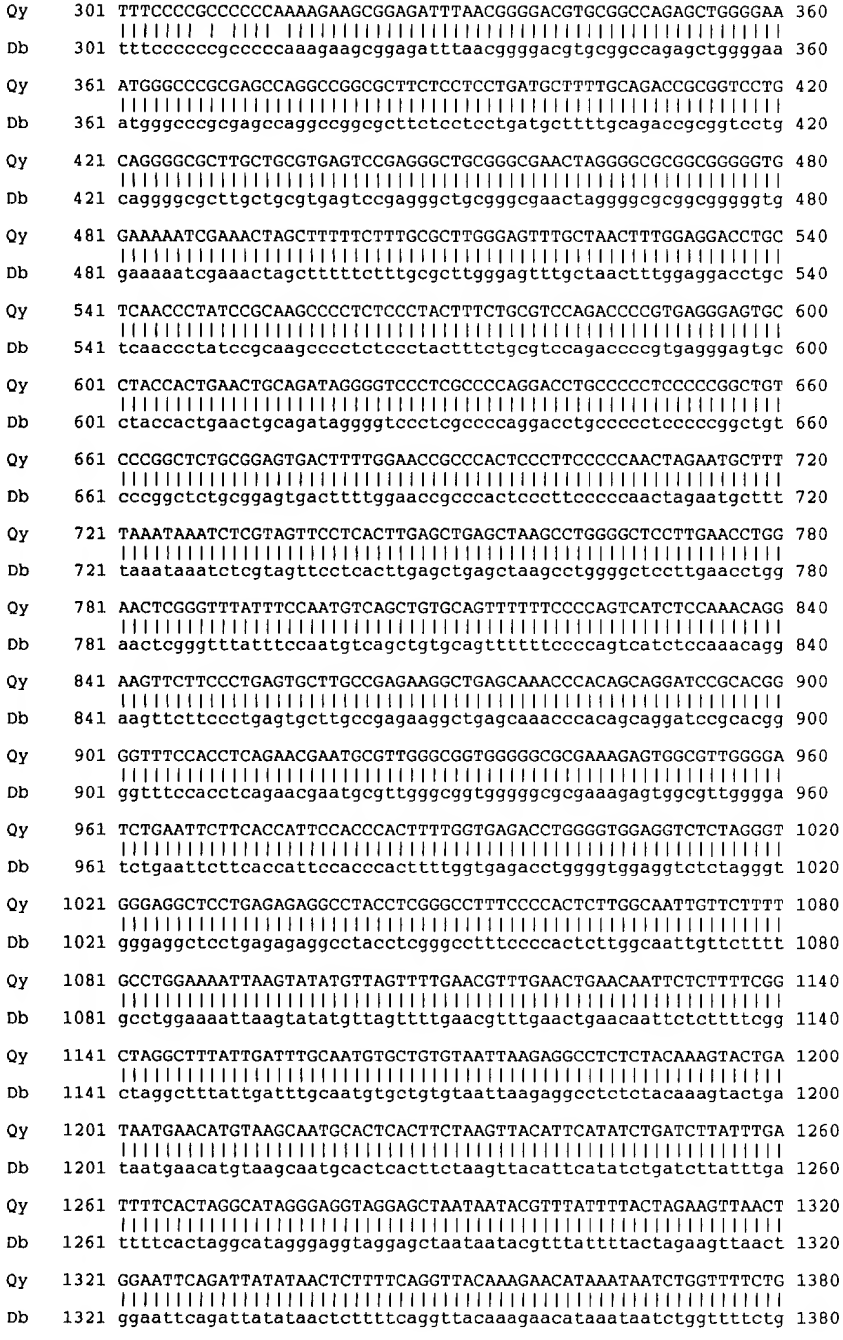
```
Db  5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaaagtttctttcat 5220
Qy  5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db  5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc 5280
Qy  5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db  5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcacataa 5340
Qy  5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db  5341 agggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttacatgtg 5400
Qy  5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db  5401 aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460
Qy  5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db  5461 acacaaaatggtgtctctcctgtagcttgtttttttctgaaaagggtatttccttcctcc 5520
Qy  5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db  5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatccccctctc 5580
Qy  5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db  5581 ctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640
Qy  5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db  5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactacccccagaacatcaccatg 5700
Qy  5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db  5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgtattg 5760
Qy  5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db  5761 cccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctggggaagag 5820
Qy  5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db  5821 cagagatatacgtaccaggtggagcacccaggcctggatcagcccctcattgtgatctgg 5880
Qy  5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db  5881 ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940
Qy  5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db  5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttaggggggtgggctgagg 6000
Qy  6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db  6001 gtggcaatcaaaggctttaacttgctttttctgttttagagccctcaccgtctggcaccc 6060
Qy  6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db  6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattggaattt 6120
Qy  6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db  6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaaggggaagtctct 6180
Qy  6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db  6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240
Qy  6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db  6241 aagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300
```

```
Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaagaatg 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggattcca 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 agctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaaaaga 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 gaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtcttttgggatattgggttatga 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 tcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatatggtg 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataagcat 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 gtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 ctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 gcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctccccctggaactg 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagag 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 acatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggа 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 cttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 aaccttaccagatttttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcct 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttc 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagc 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttttctaattggcatga 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtat 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 tccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctctccttgttctgataatgaaa 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 catgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatccccat 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 agcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtgaga 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaagta 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
```

```
Db   8461 tagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 ggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcacat 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaagtc 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcattca 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 ttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 gcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaaaa 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 aaagagtctttttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatgat 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccgcc 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 agagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgcacttg 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctcttctt 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9541 ttaaaccattttcttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagccag 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttattttgcttctaattt 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 ctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagcaaac 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaagcaga 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 aggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 gttaatttttttaatagaaattttaagtcctcattttctttcggtgtttttaagcttaa 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 tttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaagagaa 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcactggaa 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 atcacttgtagagaaaagccccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 ctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacacaacag 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgaggactgc 10680
```

```
Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataatactgt 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825


RESULT   5
AAT96690
ID   AAT96690 standard; DNA; 10825 BP.
XX
AC   AAT96690;
XX
DT   14-APR-1998  (first entry)
XX
DE   Hereditary haemochromatosis gene.
XX
KW   Hereditary haemochromatosis; metal toxicity; diagnosis;
KW   gene therapy; prenatal screening; human; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             361..7147
FT                   /*tag=  a
FT                   /note= "contains introns"
FT   intron          437..3761
FT                   /*tag=  b
FT                   /number= 1
FT   intron          4026..4234
FT                   /*tag=  c
FT                   /number= 2
FT   intron          4511..5605
FT                   /*tag=  d
FT                   /number= 3
FT   intron          5882..6039
FT                   /*tag=  e
FT                   /number= 4
FT   intron          6154..7106
FT                   /*tag=  f
FT                   /number= 5
FT   mutation        3872
FT                   /*tag=  g
FT                   /note= "C to G substitution (24d2 mutation)
FT                          results in His to Asp substitution"
FT   variation       3878
FT                   /*tag=  h
FT                   /note= "A to T substitution (24d7 variant)
FT                          results in Ser to Cys substitution"
FT   mutation        5834
FT                   /*tag=  i
FT                   /note= "G to A substitution (24d1 mutation
FT                          associated with HH), results in Cys to
FT                          Tyr substitution"
XX
PN   WO9738137-A1.
XX
PD   16-OCT-1997.
XX
PF   04-APR-1997;   97WO-US06254.
XX
PR   23-MAY-1996;   96US-0652265.
PR   04-APR-1996;   96US-0630912.
PR   16-APR-1996;   96US-0632673.
XX
PA   (MERC-) MERCATOR GENETICS INC.
XX
PI   Drayna DT,  Feder JN,  Gnirke A,  Ruddy D,  Thomas WJ;
PI   Tsuchihashi Z,  Wolff RK;
XX
DR   WPI; 1997-512743/47.
DR   P-PSDB; AAW36499.
XX
PT   Hereditary haemochromatosis gene and variants - useful for diagnosis
PT   and treatment of hereditary haemochromatosis disease
XX
PS   Disclosure; Fig 3; 115pp; English.
XX
CC   This genomic DNA sequence corresponds to the human gene whose
CC   mutated form is associated with hereditary haemochromatosis (HH).
CC   To identify this novel gene, allelic association patterns were
CC   determined between known markers and the HH locus in the HLA region
CC   of chromosome 6.  A physical clone coverage was then generated
CC   extending from D6S265, which is a marker that is centromeric of
CC   HLA-A, in a telomeric direction through D6S276, a marker at which
CC   the allelic association was no longer observed.  A single mutation
CC   (24d1) in the HH gene appears responsible for the majority of HH
CC   disease.  This comprises a G to A substitution that is present in
CC   86% of affected chromosomes and in 4% of unaffected chromosomes.
CC   It results in a Cys to Tyr substitution in the encoded protein (see
CC   AAW36499) at a critical disulphide bridge important for secondary
CC   structure.  The following are claimed: the HH genomic DNA (I), a
CC   1437 bp cDNA sequence (Ia) (see AAT96691) and their 24d1, 24d2 and
CC   24d7 variants; a cloning or expression vector; host cells; a
CC   peptide product chosen from the HH gene product, its variants
CC   (24d1, 24d2 and 24d7), or a peptide of at least 56 amino acid
CC   residues of these; an antibody produced using the peptide; a method
CC   to determine the presence or absence of the common HH gene
CC   mutation; an animal model for the HH disease; metal chelation
CC   agents, T-cell differentiation factors and therapeutic agents for
CC   the mitigation of injury due to oxidative process in vivo or
CC   mitigation of iron overload; a method for screening potential
CC   therapeutic agents for activity in connection with HH disease; an
CC   antisense oligonucleotide directed against a transcriptional
CC   product of a nucleic acid sequence as above; and oligonucleotides
CC   or pairs of oligonucleotides covering a range of nucleotides from
CC   (I), (Ia) or their variants, useful for detecting a polymorphism in
CC   the HH gene.  The invention also relates to methods for screening
CC   for HH homozygotes, to HH diagnosis, prenatal screening and
CC   diagnosis, and therapies of HH disease, including gene therapy,
CC   protein- and antibody-based therapeutics, and small molecule
CC   therapeutics.
XX
SQ   Sequence 10825 BP; 2996 A; 2254 C; 2648 G; 2927 T; 0 other;


  Query Match             99.9%;  Score 10816.6;  DB 18;  Length 10825;
  Best Local Similarity   99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 10819;  Conservative    0;  Mismatches    6;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaatattta 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacaccccct 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 300
```


Qy 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db 301 tttccccccgccccaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 360
Qy 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db 361 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 420
Qy 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db 421 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 480
Qy 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db 481 gaaaaatcgaaactagctttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 540
Qy 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db 541 tcaaccctatccgcaagcccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 600
Qy 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db 601 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgccccctccccggctgt 660
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 661 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttccccccaactagaatgcttt 720
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 721 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 780
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 781 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttttccccagtcatctccaaacagg 840
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 841 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 900
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 901 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 960
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 961 tctgaattcttcaccattccacccacttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1020
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 1021 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaattgttctttt 1080
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 1081 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 1140
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 1141 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 1200
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 1201 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 1260
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 1261 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttatttttactagaagttaact 1320
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 1321 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 1380
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 1381 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 1440
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 1441 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 1500
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 1501 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 caaatttattcaatggtacactgggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccttgatattttgcattctagtgggaga 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgtgggggggggggg 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 cggcgtgggggtgggaaggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 2220
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 2280
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 2281 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 2340
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 2341 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 2400
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 2401 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 2460
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

```
Db  2461 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 2520
Qy  2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db  2521 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 2580
Qy  2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db  2581 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 2640
Qy  2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db  2641 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaacccttctctacaaaaaatacaaaaatta 2700
Qy  2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db  2701 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 2760
Qy  2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db  2761 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 2820
Qy  2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db  2821 ctaggtgacagagcaagaccctgtctcccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 2880
Qy  2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db  2881 tgactttgttctttatttaattttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 2940
Qy  2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db  2941 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcatttg 3000
Qy  3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db  3001 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3060
Qy  3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db  3061 cagtgtaagaattcaggaccaaggctgggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 3120
Qy  3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db  3121 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 3180
Qy  3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db  3181 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 3240
Qy  3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db  3241 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 3300
Qy  3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db  3301 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 3360
Qy  3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db  3361 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatttggg 3420
Qy  3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db  3421 tctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacaccttaac 3480
Qy  3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db  3481 attttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaataggat 3540
Qy  3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db  3541 ctgggggcagtgaggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaagagc 3600
Qy  3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db  3601 acccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaaatgagga 3660
Qy  3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db  3661 ccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgctccc 3720
Qy  3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Db  3721 ctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgcacta 3780
Qy  3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Db  3781 cctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgggcta 3840
Qy  3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Db  3841 cgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatcatgagagtcgccgtgtggagccccgaac 3900
Qy  3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Db  3901 tccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtctgaa 3960
Qy  3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Db  3961 agggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaaccacag 4020
Qy  4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Db  4021 caagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatcttttc 4080
Qy  4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Db  4081 atgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagggaag 4140
Qy  4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Db  4141 gaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctattcctt 4200
Qy  4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Db  4201 tggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcatcctg 4260
Qy  4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Db  4261 ggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatgatggg 4320
Qy  4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Db  4321 caggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccagggcc 4380
Qy  4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Db  4381 tggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggcctac 4440
Qy  4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Db  4441 ctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgttttg 4500
Qy  4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Db  4501 gaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgccctatactctagtggcagagtggagg 4560
Qy  4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Db  4561 aggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtgcctc 4620
Qy  4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Db  4621 tccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctctaccttataattgagatgta 4680
```

```
Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 tgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctccatgcatatggctcaaagggaa 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 gtgtctatggcccttgctttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctgttaa 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 aaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccccctgtaatcccagcactttggg 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 aggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatggtgaa 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 acccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagtccca 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 gctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgcactga 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 gccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatcttaaaaaa 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 aaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccaggacaaa 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 atatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccttaggttaaaagtttctttcat 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 agaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataacaatgc 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 ctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcacataa 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 agggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttacatgtg 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 aggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatcttagg 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 acacaaaatggtgtctctcctgtagcttgttttttctgaaaagggtatttccttcctcc 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 aacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatccccctctc 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 ctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgtgacc 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 tcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccagaacatcaccatg 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 aagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgtattg 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 cccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctggggaagag 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 cagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagcccctcattgtgatctgg 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 ggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggagtgcc 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 tgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttagggggtgggctgagg 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 gtggcaatcaaaggctttaacttgctttttctgttttagagccctcaccgtctggcaccc 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 tagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattggaattt 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 tgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaagggggaagtctct 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 tagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatccatggg 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 aagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacagaaaat 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 aatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcacctactat 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 tttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtggctat 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 tctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaagaag 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 accccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaagaatg 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 atcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggattcca 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 ttaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagtagga 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 gagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagtttgcgt 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 agctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaaaaga 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 gaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtcttttgggatattgggttatga 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
```

```
Db  6841 tcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatatggtg 6900
Qy  6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db  6901 aatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataagcat 6960
Qy  6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db  6961 ttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgagatgg 7020
Qy  7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db  7021 gtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgatgcct 7080
Qy  7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db  7081 ctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctgaacg 7140
Qy  7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db  7141 tgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaaga 7200
Qy  7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db  7201 gggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaatt 7260
Qy  7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db  7261 gcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccat 7320
Qy  7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db  7321 ttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctccccctggaactg 7380
Qy  7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db  7381 tctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagag 7440
Qy  7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db  7441 acatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggа 7500
Qy  7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db  7501 cttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcat 7560
Qy  7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db  7561 aaccttaccagatttttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcct 7620
Qy  7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db  7621 ttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttc 7680
Qy  7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db  7681 catctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatggaagag 7740
Qy  7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db  7741 gcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagc 7800
Qy  7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db  7801 aggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttctaattggcatga 7860
Qy  7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db  7861 aggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtat 7920
Qy  7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db  7921 tccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctctccttgttctgataatgaaa 7980
Qy  7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db  7981 attatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcacctactta 8040
Qy  8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db  8041 catgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatccccat 8100
Qy  8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db  8101 ttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatccc 8160
Qy  8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db  8161 agcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctggc 8220
Qy  8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db  8221 taacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggcag 8280
Qy  8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db  8281 acgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccaggagg 8340
Qy  8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db  8341 cagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtgaga 8400
Qy  8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db  8401 ctccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaagta 8460
Qy  8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db  8461 tagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgaccg 8520
Qy  8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db  8521 tttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagagaa 8580
Qy  8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db  8581 ggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcacat 8640
Qy  8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db  8641 gaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaagtc 8700
Qy  8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db  8701 cctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcattca 8760
Qy  8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db  8761 tttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgggc 8820
Qy  8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db  8821 ttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatttc 8880
Qy  8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db  8881 cctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaagtg 8940
Qy  8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db  8941 gcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaaaa 9000
Qy  9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db  9001 aaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgttca 9060
```

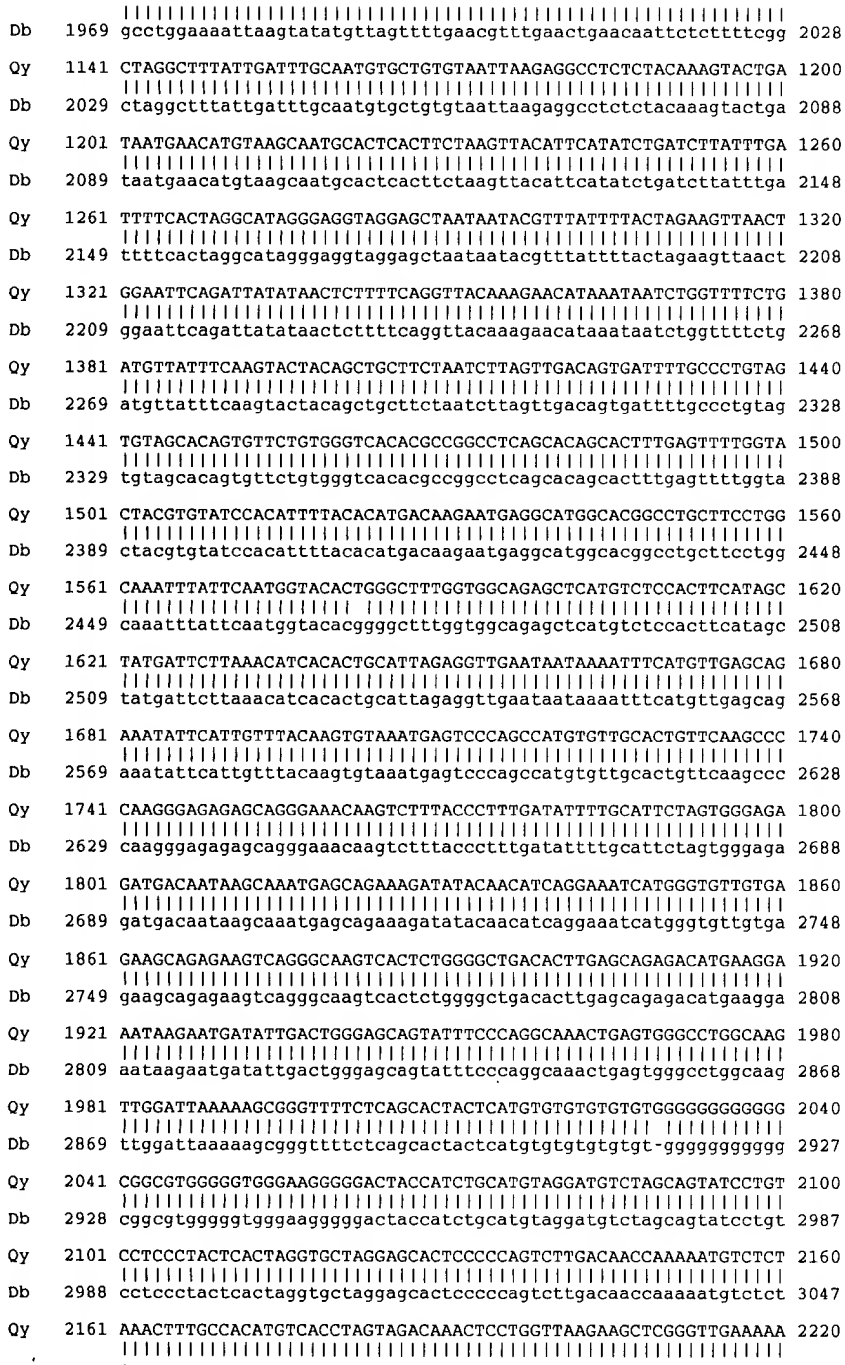
```
Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 aaagagtctttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatgat 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 ctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctccca 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 agtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagtaga 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 gacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccgcc 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 tgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtcaaa 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 agagtcttaatatatatttccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgcacttg 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 gctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccatat 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 acagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctcttctt 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 ttaaaccattttctttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgattt 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 acgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagccag 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 tgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatgca 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 tatactttaataaatgtatattgtattgtatactgcatgattttattgaagttcttgttc 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 atcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttattttgcttctaattt 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 ctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcgtgtt 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 tcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagcaaac 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 cattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaagcaga 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 ctgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatttatt 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 aggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaacacc 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 ccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtggcct 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 gttaatttttttaatagaaattttaagtcctcattttctttcggtgtttttaagcttaa 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 tttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaagacctg 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 cattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaagagaa 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 gggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagatgcag 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 cgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcactggaa 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 atcacttgtagagaaaagcccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactacttaccag 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 ctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacacaacag 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 aaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgaggactgc 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 tgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataatactgt 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 cagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactgtctc 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 taaaatccccaaatttttcataaac 10825
```

RESULT 6
AAA96794
ID AAA96794 standard; cDNA; 12146 BP.
XX
AC AAA96794;
XX
DT 19-FEB-2001 (first entry)
XX
DE Genomic DNA of a histocompatibility iron loading (HFE) gene.
XX
KW Human; histocompatibility iron loading protein; HFE protein;
KW major histocompatibility complex; non-classical class I gene;
KW chromosome 6p; iron disorder; haemochromatosis; ss.
XX
OS Homo sapiens.
XX

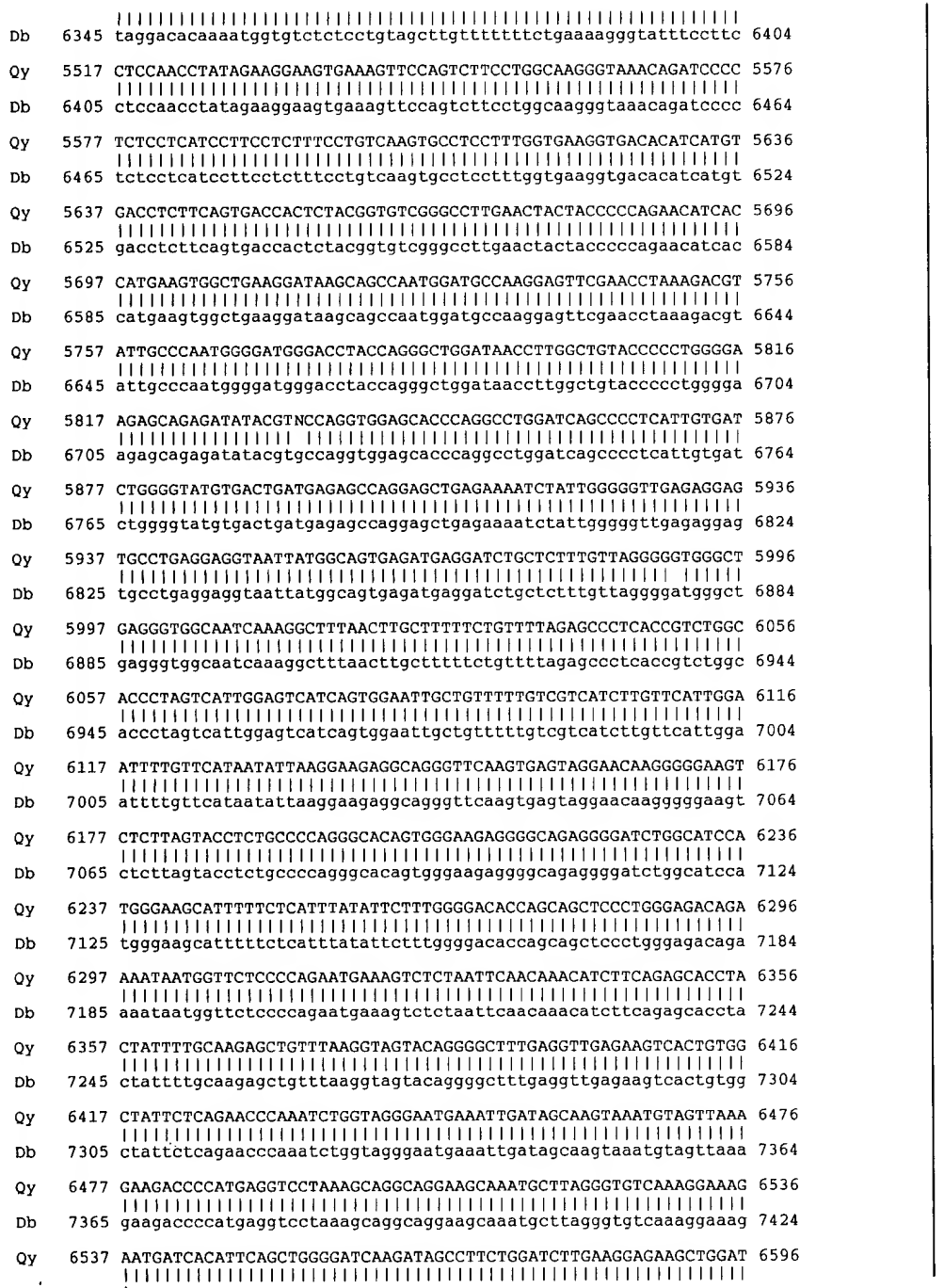
FH	Key	Location/Qualifiers
FT	exon	1028..1324
FT		/*tag= a
FT		/number= 1
FT	intron	1325..4651
FT		/*tag= b
FT		/number= 1
FT	exon	4652..4915

```
FT                   /*tag=  c
FT                   /number= 2
FT   intron          4916..5124
FT                   /*tag=  d
FT                   /number= 2
FT   exon            5125..5400
FT                   /*tag=  e
FT                   /number= 3
FT   intron          5401..6493
FT                   /*tag=  f
FT                   /number= 3
FT   exon            6494..6769
FT                   /*tag=  g
FT                   /number= 4
FT   intron          6770..6927
FT                   /*tag=  h
FT                   /number= 4
FT   exon            6928..7041
FT                   /*tag=  i
FT                   /number= 5
FT   intron          7042..7994
FT                   /*tag=  j
FT                   /number= 5
FT   exon            7995..9050
FT                   /*tag=  k
FT                   /number= 6
FT   intron          9051..10205
FT                   /*tag=  l
FT                   /number= 6
FT   exon            10206..10637
FT                   /*tag=  m
XX
PN   WO200058515-A1.
XX
PD   05-OCT-2000.
XX
PF   24-MAR-2000; 2000WO-US07982.
XX
PR   26-MAR-1999;   99US-0277457.
XX
PA   (BILL-) BILLUPS-ROTHENBERG INC.
XX
PI   Rothenberg BE,  Sawada-Hirai R,  Barton JC;
XX
DR   WPI; 2000-647244/62.
XX
PT   Diagnosing an iron disorder e.g. hemochromatosis or a genetic
PT   susceptibility to develop it, by determining the presence of a mutation
PT   in exon 2 or an intron of a histocompatibility iron loading nucleic
PT   acid -
XX
PS   Example 1; Page 21-28; 55pp; English.
XX
CC   The present sequence represents the human histocompatibility iron
CC   loading (HFE) gene. The HFE gene is a major histocompatibility (MHC)
CC   non-classical class I gene located on chromosome 6p. Mutations in the
CC   gene lead to iron disorders. The specification describes a method for
CC   diagnosing an iron disorder or a genetic susceptibility to develop the
CC   disorder in a mammal. The method comprises determining the presence of
CC   a mutation in exon 2 or an intron of a HFE gene or protein. The mutation
CC   is not a C to G missense mutation at nucleotide 187 of the sequence
CC   given in A96769 (Genbank Accession number U60319). The presence of the
CC   mutation indicates the disorder or the genetic susceptibility to the
CC   disorder. The method is used to diagnose an iron disorder
CC   e.g. haemochromatosis, or a genetic susceptibility to develop it.
XX
SQ   Sequence 12146 BP; 3383 A; 2474 C; 2911 G; 3378 T; 0 other;

  Query Match            99.4%;  Score 10759.8;  DB 21;  Length 12146;
  Best Local Similarity  99.8%;  Pred. No. 0;
  Matches 10812;  Conservative    0;  Mismatches    9;  Indels    8;  Gaps    4;
```

```
Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
Db     889 tctaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaatcataaatattta 948

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Db     949 aatatctaaagttcagatcagaacattgcgaagctactttccccaatcaacaacacccct 1008

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db    1009 tcaggatttaaaaaccaaggggacactggatcacctagtgtttcacaagcaggtacctt 1068

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db    1069 ctgctgtaggagagagagaactaaagttctgaaagacctgttgcttttcaccaggaagtt 1128

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db    1129 ttactgggcatctcctgagcctaggcaatagctgtagggtgacttctggagccatccccg 1188

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db    1189 tttccccgccccccaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggccagagctggggaa 1248

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db    1249 atgggcccgcgagccaggccggcgcttctcctcctgatgcttttgcagaccgcggtcctg 1308

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db    1309 caggggcgcttgctgcgtgagtccgagggctgcgggcgaactaggggcgcggcgggggtg 1368

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db    1369 gaaaaatcgaaactagctttttctttgcgcttgggagtttgctaactttggaggacctgc 1428

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db    1429 tcaacccaatccgcaagcccctctccctactttctgcgtccagaccccgtgagggagtgc 1488

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db    1489 ctaccactgaactgcagataggggtccctcgccccaggacctgcccccctccccggctgt 1548

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db    1549 cccggctctgcggagtgacttttggaaccgcccactcccttccccccaactagaatgcttt 1608

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db    1609 taaataaatctcgtagttcctcacttgagctgagctaagcctggggctccttgaacctgg 1668

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db    1669 aactcgggtttatttccaatgtcagctgtgcagtttttttccccagtcatctccaaacagg 1728

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db    1729 aagttcttccctgagtgcttgccgagaaggctgagcaaacccacagcaggatccgcacgg 1788

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db    1789 ggtttccacctcagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 1848

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db    1849 tctgaattcttcaccattccacccacttttggtgagacctggggtggaggtctctagggt 1908

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db    1909 gggaggctcctgagagaggcctacctcgggcctttccccactcttggcaattgttctttt 1968

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
```

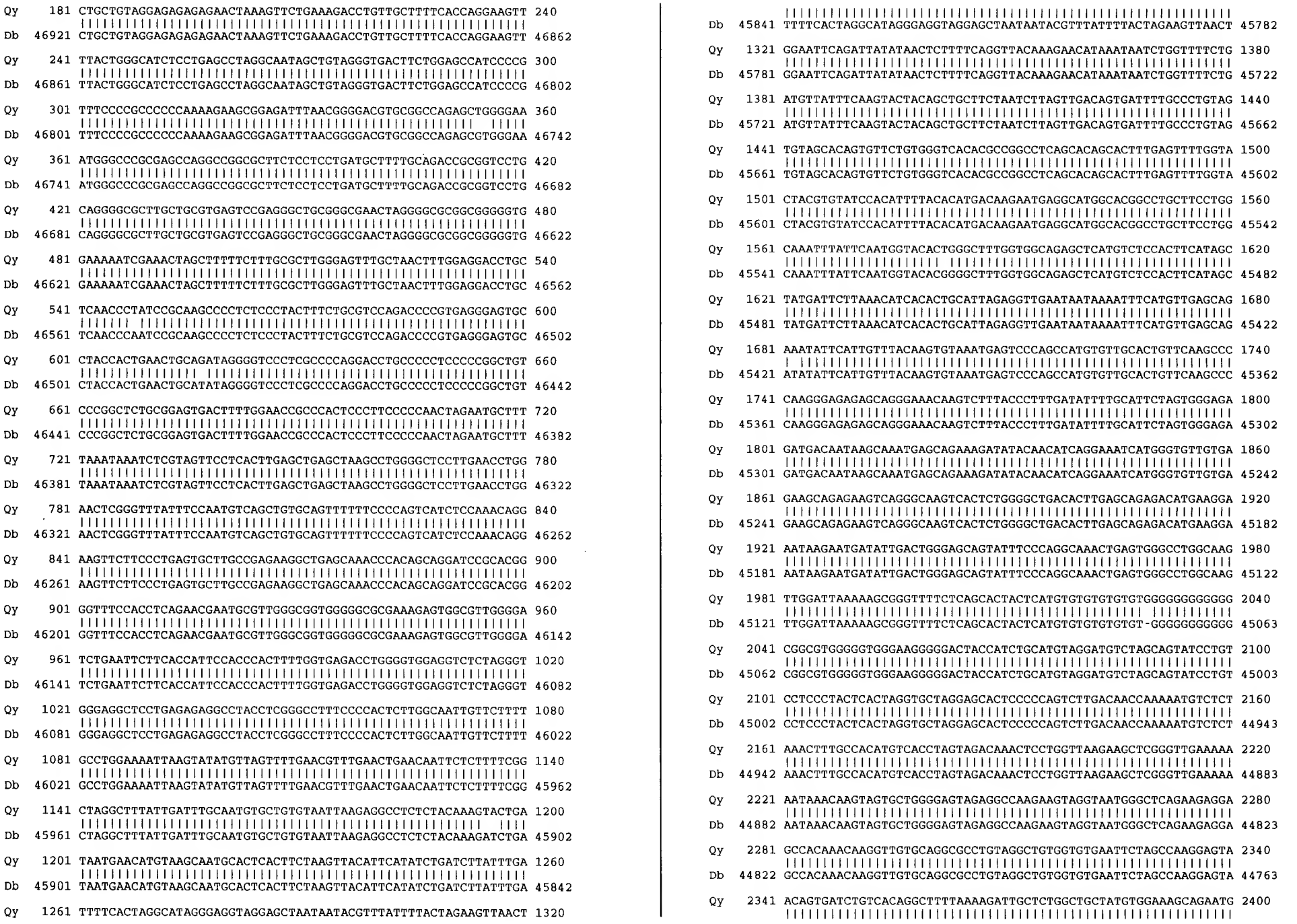

Db 1969 gcctggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaactgaacaattctcttttcgg 2028
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 2029 ctaggctttattgatttgcaatgtgctgtgtaattaagaggcctctctacaaagtactga 2088
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 2089 taatgaacatgtaagcaatgcactcacttctaagttacattcatatctgatcttatttga 2148
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 2149 ttttcactaggcatagggaggtaggagctaataatacgtttattttactagaagttaact 2208
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 2209 ggaattcagattatataactcttttcaggttacaaagaacataaataatctggttttctg 2268
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 2269 atgttatttcaagtactacagctgcttctaatcttagttgacagtgattttgccctgtag 2328
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 2329 tgtagcacagtgttctgtgggtcacacgccggcctcagcacagcactttgagttttggta 2388
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 2389 ctacgtgtatccacattttacacatgacaagaatgaggcatggcacggcctgcttcctgg 2448
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 2449 caaatttattcaatggtacacggggctttggtggcagagctcatgtctccacttcatagc 2508
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 2509 tatgattcttaaacatcacactgcattagaggttgaataataaaatttcatgttgagcag 2568
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 2569 aaatattcattgtttacaagtgtaaatgagtcccagccatgtgttgcactgttcaagccc 2628
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 2629 caagggagagagcagggaaacaagtctttacccttgatattttgcattctagtgggaga 2688
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 2689 gatgacaataagcaaatgagcagaaagatatacaacatcaggaaatcatgggtgttgtga 2748
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 2749 gaagcagagaagtcagggcaagtcactctggggctgacacttgagcagagacatgaagga 2808
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 2809 aataagaatgatattgactgggagcagtatttcccaggcaaactgagtgggcctggcaag 2868
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 2869 ttggattaaaaagcgggttttctcagcactactcatgtgtgtgtgt-gggggggggg 2927
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2928 cggcgtgggggtgggaaggggactaccatctgcatgtaggatgtctagcagtatcctgt 2987
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2988 cctccctactcactaggtgctaggagcactccccagtcttgacaaccaaaaatgtctct 3047
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 3048 aaactttgccacatgtcacctagtagacaaactcctggttaagaagctcgggttgaaaaa 3107
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 3108 aataaacaagtagtgctggggagtagaggccaagaagtaggtaatgggctcagaagagga 3167
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 3168 gccacaaacaaggttgtgcaggcgcctgtaggctgtggtgtgaattctagccaaggagta 3227
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 3228 acagtgatctgtcacaggcttttaaaagattgctctggctgctatgtggaaagcagaatg 3287
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 3288 aagggagcaacagtaaaagcagggagcccagccaggaagctgttacacagtccaggcaag 3347
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 3348 aggtagtggagtgggctgggtgggaacagaaaagggagtgacaaaccattgtctcctgaa 3407
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 3408 tatattctgaaggaagttgctgaaggattctatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 3467
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 3468 ctgggtgtagtagctcatgccaaggaggaggccaaggagagcagattcctgagctcagga 3527
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 3528 gttcaagaccagcctgggcaacacagcaaaaccccttctctacaaaaaatacaaaaatta 3587
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 3588 gctgggtgtggtggcatgcacctgtgatcctagctactcgggaggctgaggtggagggta 3647
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 3648 ttgcttgagcccaggaagttgaggctgcagtgagccatgactgtgccactgtacttcagc 3707
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 3708 ctaggtgacagagcaagaccctgtctccctgacccccctgaaaaagagaagagttaaagt 3767
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 3768 tgactttgttctttatttaatttattggcctgagcagtggggtaattggcaatgccat 3827
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 3828 ttctgagatggtgaaggcagaggaaagagcagtttggggtaaatcaaggatctgcattt- 3886
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 3887 ggacatgttaagtttgagattccagtcaggcttccaagtggtgaggccacataggcagtt 3946
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3947 cagtgtaagaattcaggaccaaggcagggcacggtggctcacttctgtaatcccagcact 4006
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 4007 ttggtggctgaggcaggtagatcatttgaggtcaggagtttgagacaagcttggccaaca 4066
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 4067 tggtgaaaccccatgtctactaaaaatacaaaaattagcctggtgtggtggcgcacgcct 4126
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 4127 atagtcccaggttttcaggaggcttaggtaggagaatcccttgaacccaggaggtgcagg 4186

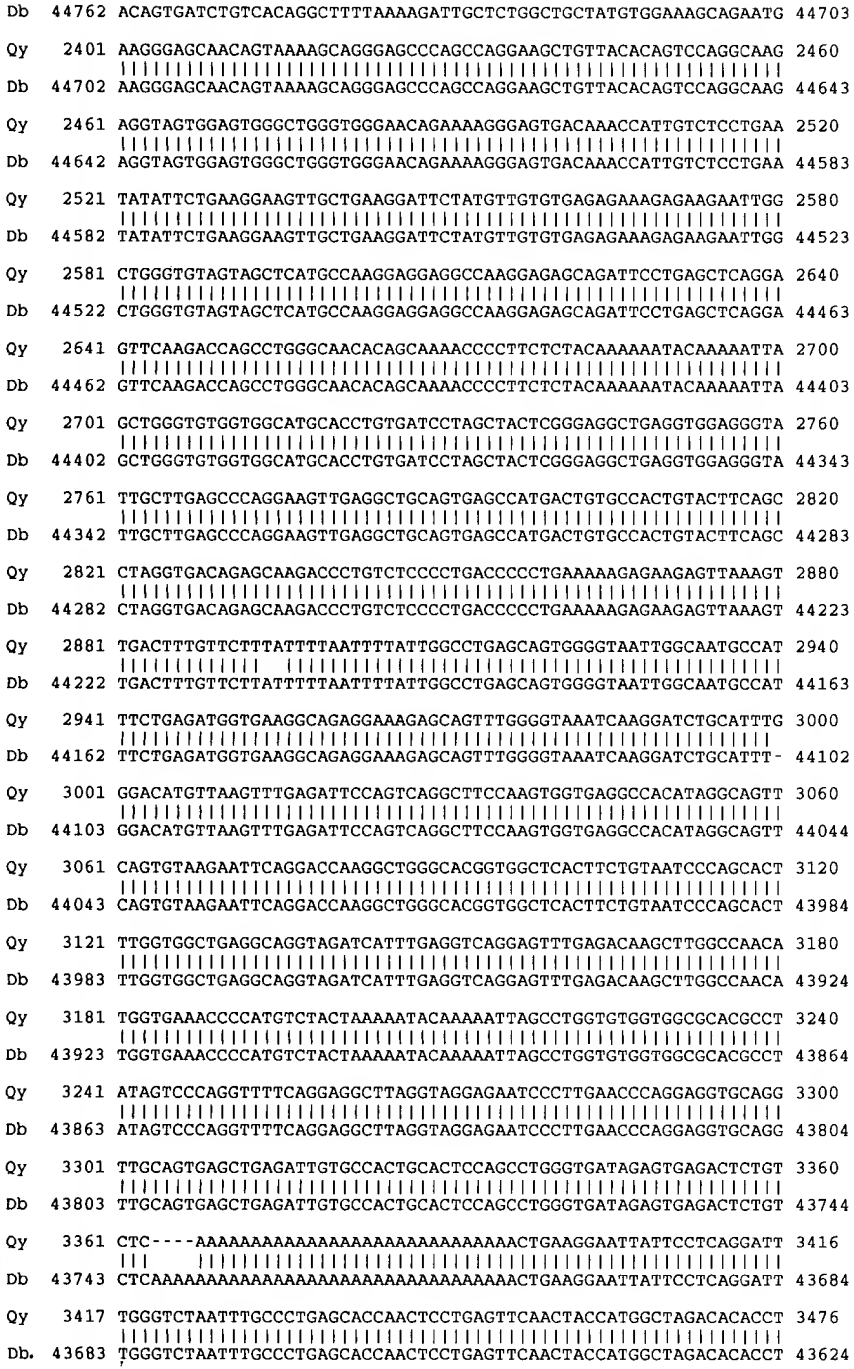
```
Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4187 ttgcagtgagctgagattgtgccactgcactccagcctgggtgatagagtgagactctgt 4246

Qy   3361 CTC----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 3416
          |||    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4247 ctcaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaactgaaggaattattcctcaggatt 4306

Qy   3417 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 3476
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4307 tgggtctaatttgccctgagcaccaactcctgagttcaactaccatggctagacacacct 4366

Qy   3477 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 3536
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4367 taacattttctagaatccaccagctttagtggagtctgtctaatcatgagtattggaata 4426

Qy   3537 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 3596
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4427 ggatctgggggcagtgaggggggtggcagccacgtgtggcagagaaaagcacacaaggaaa 4486

Qy   3597 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG 3656
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4487 gagcacccaggactgtcatatggaagaaagacaggactgcaactcacccttcacaaaatg 4546

Qy   3657 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGC 3716
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4547 aggaccagacacagctgatggtatgagttgatgcaggtgtgtggagcctcaacatcctgc 4606

Qy   3717 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGC 3776
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4607 tcccctcctactacacatggttaaggcctgttgctctgtctccaggttcacactctctgc 4666

Qy   3777 ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG 3836
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4667 actacctcttcatgggtgcctcagagcaggaccttggtctttccttgtttgaagctttgg 4726

Qy   3837 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 3896
          |||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db   4727 gctacgtggatgaccagctgttcgtgttctatgatcatgagagtcgccgtgtggagcccc 4786

Qy   3897 GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTC 3956
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4787 gaactccatgggtttccagtagaatttcaagccagatgtggctgcagctgagtcagagtc 4846

Qy   3957 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4016
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4847 tgaaagggtgggatcacatgttcactgttgacttctggactattatggaaaatcacaacc 4906

Qy   4017 ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT 4076
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4907 acagcaagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttgtcagagcttttcatct 4966

Qy   4077 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGG 4136
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4967 tttcatgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgtgggagcagggaagagg 5026

Qy   4137 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATT 4196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5027 gaaggaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtggaaatagggacctatt 5086

Qy   4197 CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCAT 4256
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5087 cctttggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtcccacaccctgcaggtcat 5146

Qy   4257 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGA 4316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5147 cctgggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctactggaagtacgggtatga 5206

Qy   4317 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAG 4376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5207 tgggcaggaccaccttgaattctgccctgacacactggattggagagcagcagaacccag 5266

Qy   4377 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGC 4436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5267 ggcctggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcgggccaggcagaacagggc 5326

Qy   4437 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGT 4496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5327 ctacctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctggagctggggagaggtgt 5386

Qy   4497 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 4556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5387 tttggaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgcccctatactctagtggcagagtg 5446

Qy   4557 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 4616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5447 gaggaggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagaggtggctgaggctgtgtg 5506

Qy   4617 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 4676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5507 cctctccaaattctgggaagggacttttctcaatcctagagtctctaccttataattgaga 5566

Qy   4677 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 4736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5567 tgtatgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctccatgcatatggctcaaag 5626

Qy   4737 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTG 4796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5627 ggaagtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttttgtatatttatacctg 5686

Qy   4797 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 4856
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5687 ttaaaaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcacccctgtaatcccagcactt 5746

Qy   4857 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 4916
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5747 tgggaggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagaccagcctgaccaacatgg 5806

Qy   4917 TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGT 4976
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5807 tgaaacccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagtcatgcgcacctgtagt 5866

Qy   4977 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCA 5036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5867 cccagctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctgggaagcggaagttgca 5926

Qy   5037 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAA 5096
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5927 ctgagccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagagtgagactccatctt-- 5984

Qy   5097 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA 5156
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5985 aaaaaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctatcatatgaataccagga 6044

Qy   5157 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 5216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6045 caaaatatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatcctttaggttaaaagtttctt 6104

Qy   5217 TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACA 5276
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6105 tcatagaacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaagtccgcttcttataaca 6164

Qy   5277 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCAC 5336
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6165 atgcctcctaggttgacccaggtgaaactgaccatctgtattcaatcattttcaatgcac 6224

Qy   5337 ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACA 5396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6225 ataaagggcaattttatctatcagaacaaagaacatgggtaacagatatgtatatttaca 6284

Qy   5397 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 5456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6285 tgtgaggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactgtgttagagtccaatct 6344

Qy   5457 TAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC 5516
```


Db 6345 taggacacaaaatggtgtctctcctgtagcttgtttttttctgaaaagggtatttccttc 6404
Qy 5517 CTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC 5576
Db 6405 ctccaacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaaacagatcccc 6464
Qy 5577 TCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGT 5636
Db 6465 tctcctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtgacacatcatgt 6524
Qy 5637 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 5696
Db 6525 gacctcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactacccccagaacatcac 6584
Qy 5697 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 5756
Db 6585 catgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaacctaaagacgt 6644
Qy 5757 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 5816
Db 6645 attgcccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtacccccctgggga 6704
Qy 5817 AGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGAT 5876
Db 6705 agagcagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagccccatcattgtgat 6764
Qy 5877 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 5936
Db 6765 ctggggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattgggggttgagaggag 6824
Qy 5937 TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCT 5996
Db 6825 tgcctgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttaggggatgggct 6884
Qy 5997 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6056
Db 6885 gagggtggcaatcaaaggctttaacttgctttttctgttttagagccctcaccgtctggc 6944
Qy 6057 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 6116
Db 6945 accctagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgtcatcttgttcattgga 7004
Qy 6117 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 6176
Db 7005 attttgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagtaggaacaaggggaagt 7064
Qy 6177 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 6236
Db 7065 ctcttagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcagaggggatctggcatcca 7124
Qy 6237 TGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGA 6296
Db 7125 tgggaagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcagctccctgggagacaga 7184
Qy 6297 AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 6356
Db 7185 aaataatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaacatcttcagagcaccta 7244
Qy 6357 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 6416
Db 7245 ctattttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggttgagaagtcactgtgg 7304
Qy 6417 CTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 6476
Db 7305 ctattctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagcaagtaaatgtagttaaa 7364
Qy 6477 GAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 6536
Db 7365 gaagaccccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgcttagggtgtcaaaggaaag 7424
Qy 6537 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 6596
Db 7425 aatgatcacattcagctggggatcaagatagccttctggatcttgaaggagaagctggat 7484
Qy 6597 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 6656
Db 7485 tccattaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacggagcaaccatgccaagt 7544
Qy 6657 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTT 6716
Db 7545 aggagagtataaggcatactgggagattagaaataattactgtaccttaaccctgagttt 7604
Qy 6717 GCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAA 6776
Db 7605 gcttagctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaacatctgtggtgtagggaa 7664
Qy 6777 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 6836
Db 7665 aagagaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtctttgggatattgggtt 7724
Qy 6837 ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATAT 6896
Db 7725 atgatcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggaccacgatctcccttatat 7784
Qy 6897 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 6956
Db 7785 ggtgaatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagaccagttagaaagccaataa 7844
Qy 6957 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7016
Db 7845 gcatttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgcccaggtctaaattgag 7904
Qy 7017 ATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7076
Db 7905 atgggtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatggtgcctaggtttgtgat 7964
Qy 7077 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTG 7136
Db 7965 gcctctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatggggcactacgtcttagctg 8024
Qy 7137 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 7196
Db 8025 aacgtgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggagacaaaactagagactca 8084
Qy 7197 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 7256
Db 8085 aagagggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagttgaacctaaacataga 8144
Qy 7257 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCC 7316
Db 8145 aattgcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcatttcctcaaaaagatttcc 8204
Qy 7317 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 7376
Db 8205 ccatttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctgtgacctctccctgga 8264
Qy 7377 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTC 7436
Db 8265 actgtctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttcatttcctccgtcacctc 8324
Qy 7437 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 7496
Db 8325 agagacatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagaggactccttaaatttgg 8384
Qy 7497 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 7556
Db 8385 gggacttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctag 8444
Qy 7557 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTT 7616
Db 8445 tcataaccttaccagattttacacatgtatctatgcattttctggacccgttcaacttt 8504
Qy 7617 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATT 7676
Db 8505 tcctttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtcaccaagccttggggatt 8564

```
Qy   7677 CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 7736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8565 cttccatctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgtacactgcacgaatgga 8624

Qy   7737 AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 7796
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8625 agaggcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttt 8684

Qy   7797 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGC 7856
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8685 tagcaggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggtgtttttttctaattggc 8744

Qy   7857 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA 7916
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8745 atgaaggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcatttgggatgctactcta 8804

Qy   7917 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT 7976
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8805 gtattccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctctccttgttctgataat 8864

Qy   7977 GAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTA 8036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8865 gaaaattatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccgactcttctgagcaccta 8924

Qy   8037 CTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 8096
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8925 cttacatgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatcc 8984

Qy   8097 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 8156
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8985 ccatttctttttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaa 9044

Qy   8157 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 8216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9045 tcccagcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcc 9104

Qy   8217 TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 8276
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9105 tggctaacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtg 9164

Qy   8277 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 8336
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9165 gcagacgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccag 9224

Qy   8337 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGT 8396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9225 gaggcagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagt 9284

Qy   8397 GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGA 8456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9285 gagactccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtga 9344

Qy   8457 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 8516
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9345 agtatagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctg 9404

Qy   8517 ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 8576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9405 accgtttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatag 9464

Qy   8577 AGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATC 8636
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db   9465 agaaggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgaatgagcttgaatc 9524

Qy   8637 ACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAA 8696
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9525 acatgaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaa 9584

Qy   8697 AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCA 8756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9585 agtccctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggca 9644

Qy   8757 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT 8816
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9645 ttcatttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgct 9704

Qy   8817 GGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTA 8876
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9705 gggcttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggta 9764

Qy   8877 TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA 8936
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9765 tttccctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccacca 9824

Qy   8937 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAA 8996
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9825 agtggcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaa 9884

Qy   8997 AAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 9056
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9885 aaaaaaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatg 9944

Qy   9057 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 9116
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9945 ttcaaaagagtctttttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggca 10004

Qy   9117 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 9176
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10005 tgatctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcct 10064

Qy   9177 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 9236
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10065 cccaagtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttag 10124

Qy   9237 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATC 9296
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10125 tagagacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatc 10184

Qy   9297 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 9356
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10185 cgcctgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgt 10244

Qy   9357 CAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCA 9416
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10245 caaaagagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgca 10304

Qy   9417 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 9476
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10305 cttggctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggatacc 10364

Qy   9477 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT 9536
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10365 atatacagctcagaagtttcttctttaggcattaaattttagcaaagatatctcatctct 10424

Qy   9537 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTG 9596
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10425 tcttttaaaccattttcttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtg 10484

Qy   9597 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG 9656
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10485 atttacgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattag 10544

Qy   9657 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA 9716
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10545 ccagtgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaa 10604

Qy   9717 TGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT 9776
          |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10605 tgcatatactttaataaatgtacattgtattgtatactgcatgattttattgaagttctt 10664

Qy   9777 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTA 9836
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10665 gttcatcttgtgtatatacttaatcgctttgtcattttggagacatttatttttgcttcta 10724

Qy   9837 ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG 9896
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10725 atttctttacattttgtcttacggaatattttcattcaactgtggtagccgaattaatcg 10784

Qy   9897 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 9956
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10785 tgtttcttcactctagggacattgtcgtctaagttgtaagacattggttattttaccagc 10844

Qy   9957 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 10016
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10845 aaaccattctgaaagcatatgacaaattatttctctcttaatatcttactatactgaaag 10904

Qy  10017 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10076
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10905 cagactgctataaggcttcacttactcttctacctcataaggaatatgttacaattaatt 10964

Qy  10077 TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 10136
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10965 tattaggtaagcatttgttttatattggttttatttcacctgggctgagatttcaagaaa 11024

Qy  10137 CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTG 10196
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11025 caccccagtcttcacagtaacacatttcactaacacatttactaaacatcagcaactgtg 11084

Qy  10197 GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 10256
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11085 gcctgttaatttttttaatagaaatttttaagtcctcattttctttcggtgtttttttaagc 11144

Qy  10257 TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 10316
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11145 ttaatttttctggctttattcataaattcttaaggtcaactacatttgaaaaatcaaaga 11204

Qy  10317 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 10376
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11205 cctgcattttaaattcttattcacctctggcaaaaccattcacaaaccatggtagtaaag 11264

Qy  10377 AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGAT 10436
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11265 agaagggtgacacctggtggccataggtaaatgtaccacggtggtccggtgaccagagat 11324

Qy  10437 GCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACT 10496
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11325 gcagcgctgagggttttcctgaaggtaaaggaataaagaatgggtggaggggcgtgcact 11384

Qy  10497 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 10556
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11385 ggaaatcacttgtagagaaaagcccctgaaaatttgagaaaacaaacaagaaactactta 11444

Qy  10557 CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA 10616
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11445 ccagctatttgaattgctggaatcacaggccattgctgagctgcctgaactgggaacaca 11504

Qy  10617 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 10676
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11505 acagaaggaaaacaaaccactctgataatcattgagtcaagtacagcaggtgattgagga 11564

Qy  10677 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 10736
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11565 ctgctgagaggtacaggccaaaattcttatgttgtattataataatgtcatcttataata 11624

Qy  10737 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 10796
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  11625 ctgtcagtattttataaaacattcttcacaaactcacacacatttaaaaacaaaacactg 11684

Qy  10797 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
                ||||||||||||||||||||||||||||
Db  11685 tctctaaaatccccaaatttttcataaac 11713


RESULT   7
AAV57903/c
ID   AAV57903 standard; DNA; 237326 BP.
XX
AC   AAV57903;
XX
DT   21-DEC-1998  (first entry)
XX
DE   Hereditary haemochromatosis subregion from an HH affected individual.
XX
KW   Bovine butyrophilin; BT; human hereditary haemochromatosis; HFE;
KW   diagnosis; iron metabolism; NPT3; NPT4; RoRet; BTF1; BTF2; BTF3;
KW   BTF4; BTF5; milk protein; lupus; Sjogren's syndrome; hypophosphatemia;
KW   type 1 sodium transport gene; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9814466-A1.
XX
PD   09-APR-1998.
XX
PF   30-SEP-1997;   97WO-US17658.
XX
PR   07-MAY-1997;   97US-0852495.
PR   01-OCT-1996;   96US-0724394.
XX
PA   (PROG-) PROGENTIOR INC.
XX
PI   Feder JN,  Kronmal GS,  Lauer PM,  Ruddy DA,  Thomas WJ;
PI   Tsuchihashi Z,  Wolff RK;
XX
DR   WPI; 1998-240014/21.
XX
PT   Hereditary haemochromatosis gene products - used to develop products
PT   for the diagnosis and treatment of hereditary disorders in iron
PT   metabolism
XX
PS   Claim 1; Fig 9; 209pp; English.
XX
CC   The present invention describes hereditary haemochromatosis gene
CC   products from the human haemochromatosis gene. The present sequence
CC   represents a hereditary haemochromatosis subregion from an hereditary
CC   haemochromatosis (HH) affected individual. Also described is a
CC   method to determine the presence or absence of the common hereditary
CC   haemochromatosis (HFE) gene mutation in an individual comprising:
CC   (a) providing DNA or RNA from the individual; and (b) assessing the
CC   DNA or RNA for the presence or absence of a haplotype or genotype where
CC   the presence or absence of the haplotype genotype indicates the likely
CC   presence of the HFE gene mutation in the genome of the individual. The
CC   HFE gene sequences from the present invention can be used to develop
CC   products for use in the diagnosis and treatment of HFE. The present
CC   invention also describes BTF genes, which are homologues of the milk
CC   protein butyrophilin (BT), and can be used in the production of agonists
CC   and antagonists of BT function. Also described are: (1) a RoRet gene
CC   which can be used to develop products for the study, diagnosis and
CC   treatment of lupus and Sjogren's syndrome; and (2) NPT3 and NPT4 genes
CC   which are homologues of a type 1 sodium transport gene, and can
CC   similarly be used for hypophosphatemia.
XX
SQ   Sequence 237326 BP; 69596 A; 48904 C; 48217 G; 70609 T; 0 other;


  Query Match             98.9%;  Score 10707;  DB 19;  Length 237326;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 0;
  Matches 10779;  Conservative    0;  Mismatches   42;  Indels    8;  Gaps    4;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   47101 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 47042

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   47041 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 46982

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   46981 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 46922
```


Qy 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db 46921 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 46862
Qy 241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db 46861 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 46802
Qy 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db 46801 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCGTGGGAA 46742
Qy 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db 46741 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 46682
Qy 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db 46681 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 46622
Qy 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db 46621 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 46562
Qy 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db 46561 TCAACCCAATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 46502
Qy 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db 46501 CTACCACTGAACTGCATATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 46442
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 46441 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 46382
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 46381 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 46322
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 46321 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 46262
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 46261 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 46202
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 46201 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 46142
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 46141 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 46082
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 46081 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 46022
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 46021 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 45962
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 45961 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGATCTGA 45902
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 45901 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 45842
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 45841 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 45782
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 45781 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 45722
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 45721 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 45662
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 45661 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 45602
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 45601 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 45542
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 45541 CAAATTTATTCAATGGTACACGGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 45482
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 45481 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 45422
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 45421 ATATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 45362
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 45361 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 45302
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 45301 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 45242
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 45241 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 45182
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 45181 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 45122
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 45121 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGT-GGGGGGGGGG 45063
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 45062 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 45003
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 45002 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 44943
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 44942 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 44883
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 44882 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 44823
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 44822 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 44763
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400


Db 44762 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 44703
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 44702 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 44643
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 44642 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 44583
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 44582 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 44523
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 44522 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 44463
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 44462 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 44403
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 44402 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 44343
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 44342 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 44283
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 44282 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 44223
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 44222 TGACTTTGTTCTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 44163
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 44162 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 44102
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 44103 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 44044
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 44043 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 43984
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 43983 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 43924
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 43923 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 43864
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 43863 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 43804
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 43803 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 43744
Qy 3361 CTC----AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 3416
Db 43743 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATT 43684
Qy 3417 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 3476
Db. 43683 TGGGTCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCT 43624
Qy 3477 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 3536
Db 43623 TAACATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATA 43564
Qy 3537 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 3596
Db 43563 GGATCTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAA 43504
Qy 3597 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG 3656
Db 43503 GAGCACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATG 43444
Qy 3657 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGC 3716
Db 43443 AGGACCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGC 43384
Qy 3717 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGC 3776
Db 43383 TCCCCTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGC 43324
Qy 3777 ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG 3836
Db 43323 ACTACCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGG 43264
Qy 3837 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 3896
Db 43263 GCTACGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCC 43204
Qy 3897 GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTC 3956
Db 43203 GAACTCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTC 43144
Qy 3957 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 4016
Db 43143 TGAAAGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACC 43084
Qy 4017 ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT 4076
Db 43083 ACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCT 43024
Qy 4077 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGG 4136
Db 43023 TTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGG 42964
Qy 4137 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATT 4196
Db 42963 GAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATT 42904
Qy 4197 CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCAT 4256
Db 42903 CCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCAT 42844
Qy 4257 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGA 4316
Db 42843 CCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGA 42784
Qy 4317 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAG 4376
Db 42783 TGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAG 42724
Qy 4377 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGC 4436
Db 42723 GGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGC 42664
Qy 4437 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGT 4496
Db 42663 CTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGT 42604
Qy 4497 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 4556
Db 42603 TTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTG 42544

```
Qy     4557 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 4616
Db    42543 GAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTG 42484

Qy     4617 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 4676
Db    42483 CCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGA 42424

Qy     4677 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 4736
Db    42423 TGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAG 42364

Qy     4737 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTG 4796
Db    42363 GGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTG 42304

Qy     4797 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 4856
Db    42303 TTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGCCGGGCACCCCTGTAATCCCAGCACTT 42244

Qy     4857 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 4916
Db    42243 TGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGG 42184

Qy     4917 TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGT 4976
Db    42183 TGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAAATAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGT 42124

Qy     4977 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCA 5036
Db    42123 CCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCA 42064

Qy     5037 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAA 5096
Db    42063 CTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTT-- 42004

Qy     5097 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA 5156
Db    42005 AAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGA 41946

Qy     5157 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 5216
Db    41945 CAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTT 41886

Qy     5217 TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACA 5276
Db    41885 TCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACA 41826

Qy     5277 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCAC 5336
Db    41825 ATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCAC 41766

Qy     5337 ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACA 5396
Db    41765 ATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACA 41706

Qy     5397 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 5456
Db    41705 TGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCT 41646

Qy     5457 TAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC 5516
Db    41645 TAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTC 41586

Qy     5517 CTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC 5576
Db    41585 CTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCC 41526

Qy     5577 TCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGT 5636
Db    41525 TCTCCTCATACTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGT 41466

Qy     5637 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 5696
Db    41465 GACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCAC 41406

Qy     5697 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 5756
Db    41405 CATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGT 41346

Qy     5757 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 5816
Db    41345 ATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACGAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGA 41286

Qy     5817 AGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGAT 5876
Db    41285 AGAGCAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGAT 41226

Qy     5877 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 5936
Db    41225 CTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAG 41166

Qy     5937 TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCT 5996
Db    41165 TGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCT 41106

Qy     5997 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 6056
Db    41105 GAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGC 41046

Qy     6057 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 6116
Db    41045 ACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGA 40986

Qy     6117 ATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 6176
Db    40985 ATTTTGTCCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGT 40926

Qy     6177 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 6236
Db    40925 CTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCA 40866

Qy     6237 TGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGA 6296
Db    40865 TGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGA 40806

Qy     6297 AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 6356
Db    40805 AAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTA 40746

Qy     6357 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 6416
Db    40745 CTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGG 40686

Qy     6417 CTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAA 6476
Db    40685 CTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGAAATTGTAGTTAAA 40626

Qy     6477 GAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 6536
Db    40625 GAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAG 40566

Qy     6537 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 6596
Db    40565 AATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGAT 40506

Qy     6597 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 6656
Db    40505 TCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGT 40446

Qy     6657 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTT 6716
Db    40445 AGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTT 40386

Qy     6717 GCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAA 6776
```

```
Db  40385 GCTTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATTGGTGGTGTAGGGAA 40326

Qy   6777 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTT 6836
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||
Db  40325 AAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTGGGAATATTGGGTT 40266

Qy   6837 ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATAT 6896
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40265 ATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATAT 40206

Qy   6897 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 6956
          |||||||||||||||||||||||||||     | ||||||||||||||||||||||||||
Db  40205 GGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGTAGAGGTAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAA 40146

Qy   6957 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 7016
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40145 GCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAG 40086

Qy   7017 ATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 7076
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40085 ATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGAT 40026

Qy   7077 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTG 7136
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40025 GCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTG 39966

Qy   7137 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 7196
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39965 AACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCA 39906

Qy   7197 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 7256
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39905 AAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGA 39846

Qy   7257 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCC 7316
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39845 AATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCC 39786

Qy   7317 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 7376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39785 CCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGA 39726

Qy   7377 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTC 7436
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39725 ACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTC 39666

Qy   7437 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 7496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39665 AGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGG 39606

Qy   7497 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 7556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39605 GGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAG 39546

Qy   7557 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTT 7616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39545 TCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTT 39486

Qy   7617 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATT 7676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39485 TCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATT 39426

Qy   7677 CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 7736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39425 CTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGA 39366

Qy   7737 AGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 7796
          |||||  |||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||
Db  39365 AGAGGGACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTCTGGGTAGTATGATGGGTGTTTT 39306

Qy   7797 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGC 7856
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39305 TAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGC 39246

Qy   7857 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA 7916
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39245 ATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTA 39186

Qy   7917 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT 7976
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39185 GTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAAT 39126

Qy   7977 GAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTA 8036
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39125 GAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTA 39066

Qy   8037 CTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 8096
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39065 CTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCC 39006

Qy   8097 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 8156
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39005 CCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAA 38946

Qy   8157 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 8216
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38945 TCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCC 38886

Qy   8217 TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 8276
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38885 TGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTG 38826

Qy   8277 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 8336
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38825 GCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAG 38766

Qy   8337 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGT 8396
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38765 GAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGT 38706

Qy   8397 GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGA 8456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38705 GAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGA 38646

Qy   8457 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 8516
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38645 AGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTG 38586

Qy   8517 ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 8576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38585 ACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAG 38526

Qy   8577 AGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATC 8636
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  38525 AGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAATGAGCTTGAATC 38466

Qy   8637 ACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAA 8696
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38465 ACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAA 38406

Qy   8697 AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCA 8756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38405 AGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCA 38346

Qy   8757 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT 8816
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38345 TTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCT 38286

Qy   8817 GGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTA 8876
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38285 GGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTA 38226

Qy   8877 TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA 8936
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38225 TTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCA 38166
```

```
Qy    8937 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAA 8996
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   38165 AGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAA 38106

Qy    8997 AAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 9056
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   38105 AAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATG 38046

Qy    9057 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 9116
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   38045 TTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCA 37986

Qy    9117 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 9176
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37985 TGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCT 37926

Qy    9177 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 9236
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37925 CCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAG 37866

Qy    9237 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATC 9296
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37865 TAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATC 37806

Qy    9297 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 9356
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37805 CGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGT 37746

Qy    9357 CAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCA 9416
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37745 CAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCA 37686

Qy    9417 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 9476
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37685 CTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACC 37626

Qy    9477 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT 9536
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37625 ATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCT 37566

Qy    9537 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTG 9596
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37565 TCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTG 37506

Qy    9597 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG 9656
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37505 ATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAG 37446

Qy    9657 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA 9716
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37445 CCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAA 37386

Qy    9717 TGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT 9776
           |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37385 TGCATATACTTTAATAAATGTACATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTT 37326

Qy    9777 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTA 9836
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37325 GTTCATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTA 37266

Qy    9837 ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG 9896
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37265 ATTTCTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCG 37206

Qy    9897 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 9956
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37205 TGTTTCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGC 37146

Qy    9957 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 10016
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37145 AAACCATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAG 37086

Qy   10017 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 10076
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37085 CAGACTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATT 37026

Qy   10077 TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 10136
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   37025 TATTAGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAA 36966

Qy   10137 CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTG 10196
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36965 CACCCCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTG 36906

Qy   10197 GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 10256
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36905 GCCTGTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGC 36846

Qy   10257 TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 10316
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36845 TTAATTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGA 36786

Qy   10317 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 10376
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36785 CCTGCATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAG 36726

Qy   10377 AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGAT 10436
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36725 AGAAGGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGAT 36666

Qy   10437 GCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACT 10496
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36665 GCAGCGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACT 36606

Qy   10497 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 10556
           |||||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36605 GGAAATCACTTGTAGAGAAAAGCCCAGAAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTA 36546

Qy   10557 CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA 10616
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36545 CCAGCTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACA 36486

Qy   10617 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 10676
           |||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||
Db   36485 ACAGAAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGACTGAAGTACAGCAGGTGATTGAGGA 36426

Qy   10677 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 10736
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36425 CTGCTGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATA 36366

Qy   10737 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 10796
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   36365 CTGTCAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTG 36306

Qy   10797 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||||||
Db   36305 TCTCTAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 36277
```

RESULT 8
AAL36747
ID AAL36747 standard; DNA; 5749 BP.
XX
AC AAL36747;
XX
DT 08-JAN-2002 (first entry)
XX
DE Human musculoskeletal system related polynucleotide SEQ ID NO, 3112.
XX
KW Cytostatic; immunosuppressive; nootropic; neuroprotective; antiviral;
KW antiallergic; hepatotropic; antidiabetic; antiinflammatory; antiulcer;
KW vulnerary; anticonvulsant; antibacterial; antifungal; antiparasitic;
KW cardiant; gene therapy; cancer; immune disorder; cardiovascular disorder;
KW neurological disease; infection; human; secreted protein;
KW musculoskeletal system; ds.
XX

OS Homo sapiens.
XX
PN WO200155367-A1.
XX
PD 02-AUG-2001.
XX
PF 17-JAN-2001; 2001WO-US01338.
XX
PR 31-JAN-2000; 2000US-0179065.
PR 04-FEB-2000; 2000US-0180628.
PR 24-FEB-2000; 2000US-0184664.
PR 02-MAR-2000; 2000US-0186350.
PR 16-MAR-2000; 2000US-0189874.
PR 17-MAR-2000; 2000US-0190076.
PR 18-APR-2000; 2000US-0198123.
PR 19-MAY-2000; 2000US-0205515.
PR 07-JUN-2000; 2000US-0209467.
PR 28-JUN-2000; 2000US-0214886.
PR 30-JUN-2000; 2000US-0215135.
PR 07-JUL-2000; 2000US-0216647.
PR 07-JUL-2000; 2000US-0216880.
PR 11-JUL-2000; 2000US-0217487.
PR 11-JUL-2000; 2000US-0217496.
PR 14-JUL-2000; 2000US-0218290.
PR 26-JUL-2000; 2000US-0220963.
PR 26-JUL-2000; 2000US-0220964.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0224518.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0224519.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225213.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225214.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225266.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225267.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225268.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225270.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225447.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225757.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225758.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225759.
PR 18-AUG-2000; 2000US-0226279.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0226681.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0226868.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0227182.
PR 23-AUG-2000; 2000US-0227009.
PR 30-AUG-2000; 2000US-0228924.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229287.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229343.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229344.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229345.
PR 05-SEP-2000; 2000US-0229509.
PR 05-SEP-2000; 2000US-0229513.
PR 06-SEP-2000; 2000US-0230437.
PR 06-SEP-2000; 2000US-0230438.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231242.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231243.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231244.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231413.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231414.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0232080.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0232081.
PR 12-SEP-2000; 2000US-0231968.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232397.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232398.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232399.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232400.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232401.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233063.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233064.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233065.
PR 21-SEP-2000; 2000US-0234223.
PR 21-SEP-2000; 2000US-0234274.
PR 25-SEP-2000; 2000US-0234997.
PR 25-SEP-2000; 2000US-0234998.
PR 26-SEP-2000; 2000US-0235484.
PR 27-SEP-2000; 2000US-0235834.
PR 27-SEP-2000; 2000US-0235836.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236327.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236367.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236368.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236369.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236370.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0236802.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237037.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237038.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237039.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237040.
PR 13-OCT-2000; 2000US-0239935.
PR 13-OCT-2000; 2000US-0239937.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0240960.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241221.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241785.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241786.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241787.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241808.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241809.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241826.
PR 01-NOV-2000; 2000US-0244617.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246474.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246475.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246476.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246477.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246478.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246523.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246524.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246525.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246526.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246527.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246528.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246532.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246609.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246610.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246611.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246613.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249207.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249208.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249209.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249210.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249211.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249212.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249213.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249214.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249215.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249216.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249217.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249218.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249244.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249245.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249264.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249265.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249297.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249299.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249300.
PR 01-DEC-2000; 2000US-0250160.
PR 01-DEC-2000; 2000US-0250391.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0251030.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0251988.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0256719.
PR 06-DEC-2000; 2000US-0251479.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251856.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251868.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251869.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251989.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251990.
PR 11-DEC-2000; 2000US-0254097.
PR 05-JAN-2001; 2001US-0259678.
XX
PA (HUMA-) HUMAN GENOME SCI INC.

XX
PI Rosen CA, Barash SC, Ruben SM;
XX
DR WPI; 2001-451937/48.
XX
PT Isolated polypeptide for treating, preventing and/ or prognosing
PT disorders related to the musculoskeletal system including
PT musculoskeletal cancers and also for testing and detection e.g.
PT diagnosis
XX
PS Example 2; SEQ ID NO 3112; 781pp + Sequence Listing; English.
XX
CC The invention relates to novel genes (AAL34669-AAL37666) and proteins
CC (ABB03087-ABB04109) associated with the musculoskeletal system useful
CC for preventing, treating or ameliorating medical conditions e.g. by
CC protein or gene therapy. The genes are isolated from a range of human
CC tissues disclosed in the specification. The nucleic acids, proteins,
CC antibodies and (ant)agonists are useful in the diagnosis, treatment
CC and prevention of: (a) cancer, e.g. breast and ovarian cancer and
CC other cancers of the adrenal gland, bone, bone marrow, breast,
CC gastrointestinal tract, liver, lung, or urogenital; (b) immune
CC disorders e.g. Addison's disease, allergies, autoimmune haemolytic
CC anaemia, autoimmune thyroiditis, diabetes mellitus, Crohn's disease,
CC multiple sclerosis, rheumatoid arthritis and ulcerative colitis;
CC (c) cardiovascular disorders such as myocardial ischaemias; (d) wound
CC healing; (e) neurological diseases e.g. cerebral anoxia and epilepsy;
CC and (f) infectious diseases such as viral, bacterial, fungal and
CC parasitic infections.
CC Note: The sequence data for this patent did not form part of the
CC printed specification, but was obtained in electronic format directly
CC from WIPO at ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences.
XX
SQ Sequence 5749 BP; 1600 A; 1192 C; 1403 G; 1553 T; 1 other;

Query Match 52.9%; Score 5724.8; DB 22; Length 5749;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 0;
Matches 5740; Conservative 0; Mismatches 9; Indels 1; Gaps 1;

```
Qy   4001 ATGGAAAATCACAACCACAGCAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTG 4060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 atggaaaatcacaaccacagcaagggtatgtggagaggggcctcaccttcctgaggttg 60

Qy   4061 TCAGAGCTTTTCATCTTTTCATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGT 4120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 tcagagcttttcatcttttcatgcatcttgaaggaaacagctggaagtctgaggtcttgt 120

Qy   4121 GGGAGCAGGGAAGAGGGAAGGAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTG 4180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 gggagcagggaagagggaaggaatttgcttcctgagatcatttggtccttggggatggtg 180

Qy   4181 GAAATAGGGACCTATTCCTTTGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCC 4240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 gaaatagggacctattcctttggttgcagttaacaaggctggggatttttccagagtccc 240

Qy   4241 ACACCCTGCAGGTCATCCTGGGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACT 4300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 acaccctgcaggtcatcctgggctgtgaaatgcaagaagacaacagtaccgagggctact 300

Qy   4301 GGAAGTACGGGTATGATGGGCAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGA 4360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ggaagtacgggtatgatgggcaggaccaccttgaattctgccctgacacactggattgga 360

Qy   4361 GAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGG 4420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 gagcagcagaacccagggcctggcccaccaagctggagtgggaaaggcacaagattcggg 420

Qy   4421 CCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGG 4480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 ccaggcagaacagggcctacctggagagggactgccctgcacagctgcagcagttgctgg 480

Qy   4481 AGCTGGGGAGAGGTGTTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATA 4540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 agctggggagaggtgttttggaccaacaaggtatggtggaaacacacttctgcccctata 540

Qy   4541 CTCTAGTGGCAGAGTGGAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGG 4600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ctctagtggcagagtggaggaggttgcagggcacggaatccctggttggagtttcagagg 600

Qy   4601 TGGCTGAGGCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTC 4660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 tggctgaggctgtgtgcctctccaaattctgggaagggactttctcaatcctagagtctc 660

Qy   4661 TACCTTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCA 4720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 taccttataattgagatgtatgagacagccacaagtcatgggtttaatttcttttctcca 720

Qy   4721 TGCATATGGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTT 4780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 tgcatatggctcaaagggaagtgtctatggcccttgcttttttatttaaccaataatcttt 780

Qy   4781 TGTATATTTATACCTGTTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCC 4840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 tgtatatttatacctgttaaaaattcagaaatgtcaaggccgggcacggtggctcaccct 840

Qy   4841 TGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACC 4900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 tgtaatcccagcactttgggaggccgaggcgggtggtcacaaggtcaggagtttgagacc 900

Qy   4901 AGCCTGACCAACATGGTGAAACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGT 4960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 agcctgaccaacatggtgaaacccgtctctaaaaaaatacaaaaattagctggtcacagt 960

Qy   4961 CATGCGCACCTGTAGTCCCAGCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTG 5020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 catgcgcacctgtagtcccagctaattggaaggctgaggcaggagcatcgcttgaacctg 1020

Qy   5021 GGAAGCGGAAGTTGCACTGAGCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAG 5080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 ggaagcggaagttgcactgagccaagatcgcgccactgcactccagcctaggcagcagag 1080

Qy   5081 TGAGACTCCATCTTAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTAT 5140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 tgagactccatcttaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaagagaattcagagatctcagctat 1140

Qy   5141 CATATGAATACCAGGACAAAATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTT 5200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 catatgaataccaggacaaaatatcaagtgaggccacttatcagagtagaagaatccttt 1200

Qy   5201 AGGTTAAAAGTTTCTTTCATAGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAG 5260
          | |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 a-gttaaaagtttctttcatagnacatagcaataatcactgaagctacctatcttacaag 1259

Qy   5261 TCCGCTTCTTATAACAATGCCTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCA 5320
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||
Db   1260 tccgcttcttataacaatgcctcctaggttgacccaggtgaaactgacccttttgtattca 1319

Qy   5321 ATCATTTTCAATGCACATAAAGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACA 5380
          |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1320 atcattttcaatgcacataaagggcagttttatctatcagaacaaagaacatgggtaaca 1379

Qy   5381 GATATGTATATTTACATGTGAGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTG 5440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1380 gatatgtatatttacatgtgaggagaacaagctgatctgactgctctccaagtgacactg 1439

Qy   5441 TGTTAGAGTCCAATCTTAGGACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGA 5500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1440 tgttagagtccaatcttaggacacaaaatggtgtctctcctgtagcttgttttttttctga 1499

Qy   5501 AAAGGGTATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAA 5560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Db   1500 aaagggtatttccttcctccaacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctgggaa 1559

Qy   5561 GGGTAAACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGA 5620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1560 gggtaaacagatcccctctcctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtga 1619
```

```
Qy   5621 AGGTGACACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACT 5680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1620 aggtgacacatcatgtgacctcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactact 1679

Qy   5681 ACCCCCAGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGT 5740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1680 acccccagaacatcaccatgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagt 1739

Qy   5741 TCGAACCTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGG 5800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1740 tcgaacctaaagacgtattgcccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttgg 1799

Qy   5801 CTGTACCCCCTGGGGAAGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATC 5860
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   1800 ctgtacccccctggggaagagcagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatc 1859

Qy   5861 AGCCCCTCATTGTGATCTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTAT 5920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1860 agcccctcattgtgatctggggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctat 1919

Qy   5921 TGGGGGTTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTT 5980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1920 tgggggttgagaggagtgcctgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctt 1979

Qy   5981 TGTTAGGGGGTGGGCTGAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGA 6040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1980 tgttagggggtgggctgagggtggcaatcaaaggctttaacttgcttttctgttttaga 2039

Qy   6041 GCCCTCACCGTCTGGCACCCTAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGT 6100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2040 gccctcaccgtctggcaccctagtcattggagtcatcagtggaattgctgtttttgtcgt 2099

Qy   6101 CATCTTGTTCATTGGAATTTTGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTA 6160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2100 catcttgttcattggaattttgttcataatattaaggaagaggcagggttcaagtgagta 2159

Qy   6161 GGAACAAGGGGGAAGTCTCTTAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGA 6220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2160 ggaacaaggggaagtctcttagtacctctgccccagggcacagtgggaagaggggcaga 2219

Qy   6221 GGGGATCTGGCATCCATGGGAAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAG 6280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2220 ggggatctggcatccatgggaagcatttttctcatttatattctttggggacaccagcag 2279

Qy   6281 CTCCCTGGGAGACAGAAAATAATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAAC 6340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2280 ctccctgggagacagaaaataatggttctccccagaatgaaagtctctaattcaacaaac 2339

Qy   6341 ATCTTCAGAGCACCTACTATTTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGT 6400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2340 atcttcagagcacctactattttgcaagagctgtttaaggtagtacaggggctttgaggt 2399

Qy   6401 TGAGAAGTCACTGTGGCTATTCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCA 6460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2400 tgagaagtcactgtggctattctcagaacccaaatctggtagggaatgaaattgatagca 2459

Qy   6461 AGTAAATGTAGTTAAAGAAGACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTA 6520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2460 agtaaatgtagttaaagaagaccccatgaggtcctaaagcaggcaggaagcaaatgctta 2519

Qy   6521 GGGTGTCAAAGGAAAGAATGATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTT 6580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2520 gggtgtcaaaggaaagaatgatcacattcagctggggatcaagatagccttctggatctt 2579

Qy   6581 GAAGGAGAAGCTGGATTCCATTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGG 6640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2580 gaaggagaagctggattccattaggtgaggttgaagatgatgggaggtctacacagacgg 2639

Qy   6641 AGCAACCATGCCAAGTAGGAGAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTA 6700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2640 agcaaccatgccaagtaggagagtataaggcatactgggagattagaaataattactgta 2699

Qy   6701 CCTTAACCCTGAGTTTGCGTAGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACA 6760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2700 ccttaaccctgagtttgcgtagctatcactcaccaattatgcatttctacccccctgaaca 2759

Qy   6761 TCTGTGGTGTAGGGAAAAGAGAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCT 6820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2760 tctgtggtgtagggaaaagagaatcagaaagaagccagctcatacagagtccaagggtct 2819

Qy   6821 TTTGGGATATTGGGTTATGATCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACC 6880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2820 tttgggatattgggttatgatcactggggtgtcattgaaggatcctaagaaaggaggacc 2879

Qy   6881 ACGATCTCCCTTATATGGTGAATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCA 6940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2880 acgatctcccttatatggtgaatgtgttgttaagaagttagatgagaggtgaggagacca 2939

Qy   6941 GTTAGAAAGCCAATAAGCATTTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGC 7000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2940 gttagaaagccaataagcatttccagatgagagataatggttcttgaaatccaatagtgc 2999

Qy   7001 CCAGGTCTAAATTGAGATGGGTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGG 7060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3000 ccaggtctaaattgagatgggtgaatgaggaaaataaggaagagagaagaggcaagatgg 3059

Qy   7061 TGCCTAGGTTTGTGATGCCTCTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGG 7120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3060 tgcctaggtttgtgatgcctctttcctgggtctcttgtctccacaggaggagccatgggg 3119

Qy   7121 CACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGA 7180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3120 cactacgtcttagctgaacgtgagtgacacgcagcctgcagactcactgtgggaaggaga 3179

Qy   7181 CAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGT 7240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3180 caaaactagagactcaaagagggagtgcatttatgagctcttcatgtttcaggagagagt 3239

Qy   7241 TGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTT 7300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3240 tgaacctaaacatagaaattgcctgacgaactccttgattttagccttctctgttcattt 3299

Qy   7301 CCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTG 7360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3300 cctcaaaaagatttccccatttaggtttctgagttcctgcatgccggtgatccctagctg 3359

Qy   7361 TGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCA 7420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3360 tgacctctccccctggaactgtctctcatgaacctcaagctgcatctagaggcttccttca 3419

Qy   7421 TTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAG 7480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3420 tttcctccgtcacctcagagacatacacctatgtcatttcatttcctatttttggaagag 3479

Qy   7481 GACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAAC 7540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3480 gactccttaaatttgggggacttacatgattcattttaacatctgagaaaagctttgaac 3539

Qy   7541 CCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCT 7600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3540 cctgggacgtggctagtcataaccttaccagattttacacatgtatctatgcattttct 3599

Qy   7601 GGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCA 7660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3600 ggacccgttcaacttttccttgaatcctctctctgtgttacccagtaactcatctgtca 3659

Qy   7661 CCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGT 7720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3660 ccaagccttggggattcttccatctgattgtgatgtgagttgcacagctatgaaggctgt 3719

Qy   7721 ACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTA 7780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3720 acactgcacgaatggaagaggcacctgtcccagaaaaagcatcatggctatctgtgggta 3779

Qy   7781 GTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGT 7840
```

```
Db   3780 gtatgatgggtgtttttagcaggtaggaggcaaatatcttgaaaggggttgtgaagaggt 3839

Qy   7841 GTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCAT 7900

Db   3840 gtttttttctaattggcatgaaggtgtcatacagatttgcaaagtttaatggtgccttcat 3899

Qy   7901 TTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTC 7960

Db   3900 ttgggatgctactctagtattccagacctgaagaatcacaataattttctacctggtctc 3959

Qy   7961 TCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGA 8020

Db   3960 tccttgttctgataatgaaaattatgataaggatgataaaagcacttacttcgtgtccga 4019

Qy   8021 CTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAG 8080

Db   4020 ctcttctgagcacctacttacatgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgag 4079

Qy   8081 ATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGG 8140

Db   4080 ataggtactattatccccatttctttttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacgg 4139

Qy   8141 TGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAG 8200

Db   4140 tggctcacgcctgtaatcccagcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcag 4199

Qy   8201 GAGATCGAGACCATCCTGGCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAA 8260

Db   4200 gagatcgagaccatcctggctaacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaa 4259

Qy   8261 TTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAG 8320

Db   4260 ttagctgggcgtggtggcagacgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggag 4319

Qy   8321 AATGGCATGAACCCAGGAGGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCA 8380

Db   4320 aatggcatgaacccaggaggcagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactcca 4379

Qy   8381 GCCTAGGTGACAGAGTGAGACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAA 8440

Db   4380 gcctaggtgacagagtgagactccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaa 4439

Qy   8441 AAAAAAAAGAAAGTGAAGTATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTC 8500

Db   4440 aaaaaaaagaaagtgaagtatagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttc 4499

Qy   8501 AAACTCAGTCAATCTGACCGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGA 8560

Db   4500 aaactcagtcaatctgaccgtttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttaga 4559

Qy   8561 TGCCTAGAATAAATAGAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTC 8620

Db   4560 tgcctagaataaatagagaaggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttc 4619

Qy   8621 TGAGTGAGCTTGAATCACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTG 8680

Db   4620 tgaatgagcttgaatcacatgaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctg 4679

Qy   8681 TCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCT 8740

Db   4680 tcatgtttcctttaaaagtccctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctct 4739

Qy   8741 GTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGAC 8800

Db   4740 gttgctctctttggcattcatttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggac 4799

Qy   8801 AGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGT 8860

Db   4800 agctagtggccctgctgggcttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagt 4859

Qy   8861 CAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGT 8920

Db   4860 cagaactctggtggtatttccctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggt 4919

Qy   8921 ATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGG 8980

Db   4920 ataatggaagccaccaagtggcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactgggg 4979

Qy   8981 TTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGG 9040

Db   4980 ttccggtgcacattaaaaaaaaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctggg 5039

Qy   9041 AAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGG 9100

Db   5040 aaatcagttcaccatgttcaaaagagtctttttttttttttgagactctattgcccagg 5099

Qy   9101 CTGGAGTGCAATGGCATGATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGAT 9160

Db   5100 ctggagtgcaatggcatgatctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgat 5159

Qy   9161 TCTCCTGTCTCAGCCTCCCAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTA 9220

Db   5160 tctcctgtctcagcctcccaagtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggcta 5219

Qy   9221 ATTTTTGTATTTTTAGTAGAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTC 9280

Db   5220 atttttgtattttagtagagacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactc 5279

Qy   9281 TCCTGACCTCGTGATCCGCCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGC 9340

Db   5280 tcctgacctcgtgatccgcctgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagc 5339

Qy   9341 CACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTT 9400

Db   5340 caccctgcccagccgtcaaaagagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactt 5399

Qy   9401 TATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCA 9460

Db   5400 tatgttactacatgcacttggctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggca 5459

Qy   9461 GGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCA 9520

Db   5460 ggtgcttcaggataccatatacagctcagaagtttcttctttaggcattaaatttttagca 5519

Qy   9521 AAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTA 9580

Db   5520 aagatatctcatctcttcttttaaaccattttcttttttgtggttagaaaagttatgta 5579

Qy   9581 GAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAA 9640

Db   5580 gaaaaaagtaaatgtgatttacgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaa 5639

Qy   9641 GCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATT 9700

Db   5640 gctgttatttaattagccagtgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtatt 5699

Qy   9701 ATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTA 9750

Db   5700 attgttgcattaaaaatgcatatactttaataaatgtacattgtattgta 5749


RESULT   9
AAV57926/c
ID   AAV57926 standard; DNA; 235033 BP.
XX
AC   AAV57926;
XX
DT   23-DEC-1998  (first entry)
XX
DE   Hereditary haemochromatosis subregion from an unaffected individual.
XX
KW   Bovine butyrophilin; BT; human hereditary haemochromatosis; HFE;
KW   diagnosis; iron metabolism; NPT3; NPT4; RoRet; BTF1; BTF2; BTF3;
KW   BTF4; BTF5; milk protein; lupus; Sjogren's syndrome; hypophosphatemia;
KW   type 1 sodium transport gene; ss.
```

```
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9814466-A1.
XX
PD   09-APR-1998.
XX
PF   30-SEP-1997;   97WO-US17658.
XX
PR   07-MAY-1997;   97US-0852495.
PR   01-OCT-1996;   96US-0724394.
XX
PA   (PROG-) PROGENTIOR INC.
XX
PI   Feder JN,  Kronmal GS,  Lauer PM,  Ruddy DA,  Thomas WJ;
PI   Tsuchihashi Z,  Wolff RK;
XX
DR   WPI; 1998-240014/21.
XX
PT   Hereditary haemochromatosis gene products - used to develop products
PT   for the diagnosis and treatment of hereditary disorders in iron
PT   metabolism
XX
PS   Example 2; Fig 8; 209pp; English.
XX
CC   The present invention describes hereditary haemochromatosis gene
CC   products from the human haemochromatosis gene. The present sequence
CC   represents a hereditary haemochromatosis subregion from an individual
CC   unaffected by hereditary haemochromatosis (HH). Also described is a
CC   method to determine the presence or absence of the common hereditary
CC   haemochromatosis (HFE) gene mutation in an individual comprising:
CC   (a) providing DNA or RNA from the individual; and (b) assessing the
CC   DNA or RNA for the presence or absence of a haplotype or genotype where
CC   the presence or absence of the haplotype genotype indicates the likely
CC   presence of the HFE gene mutation in the genome of the individual. The
CC   HFE gene sequences from the present invention can be used to develop
CC   products for use in the diagnosis and treatment of HFE. The present
CC   invention also describes BTF genes, which are homologues of the milk
CC   protein butyrophilin (BT), and can be used in the production of agonists
CC   and antagonists of BT function. Also described are: (1) a RoRet gene
CC   which can be used to develop products for the study, diagnosis and
CC   treatment of lupus and Sjogren's syndrome; and (2) NPT3 and NPT4 genes
CC   which are homologues of a type 1 sodium transport gene, and can
CC   similarly be used for hypophosphatemia.
XX
SQ   Sequence 235033 BP; 68786 A; 48466 C; 49441 G; 68340 T; 0 other;


  Query Match           28.7%;  Score 3109;  DB 19;  Length 235033;
  Best Local Similarity  99.9%;  Pred. No. 0;
  Matches 10810;  Conservative    0;  Mismatches   14;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47148 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 47089

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47088 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 47029

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  47028 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 46969

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46968 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 46909

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46908 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 46849

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46848 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 46789

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46788 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 46729

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46728 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 46669

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46668 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 46609

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46608 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 46549

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46548 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 46489

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46488 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 46429

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46428 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 46369

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46368 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 46309

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46308 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 46249

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46248 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 46189

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46188 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 46129

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46128 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 46069

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46068 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 46009

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  46008 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 45949

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45948 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 45889

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45888 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 45829

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45828 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 45769

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  45768 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 45709

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45708 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 45649

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45648 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 45589

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45588 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 45529

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45528 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 45469

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45468 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 45409

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45408 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 45349

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45348 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 45289

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45288 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 45229

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45228 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 45169

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45168 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 45109

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45108 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 45049

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  45048 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 44989

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44988 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 44929

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44928 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 44869

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44868 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 44809

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44808 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 44749

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44748 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 44689

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44688 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 44629

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44628 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 44569

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44568 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 44509

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44508 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 44449

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44448 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 44389

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44388 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 44329

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44328 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 44269

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44268 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 44209

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44208 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTT- 44148

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44149 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 44090

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44089 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 44030

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  44029 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 43970

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43969 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 43910

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43909 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 43850

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43849 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 43790

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43789 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 43730

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43729 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 43670

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43669 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 43610

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43609 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 43550
```

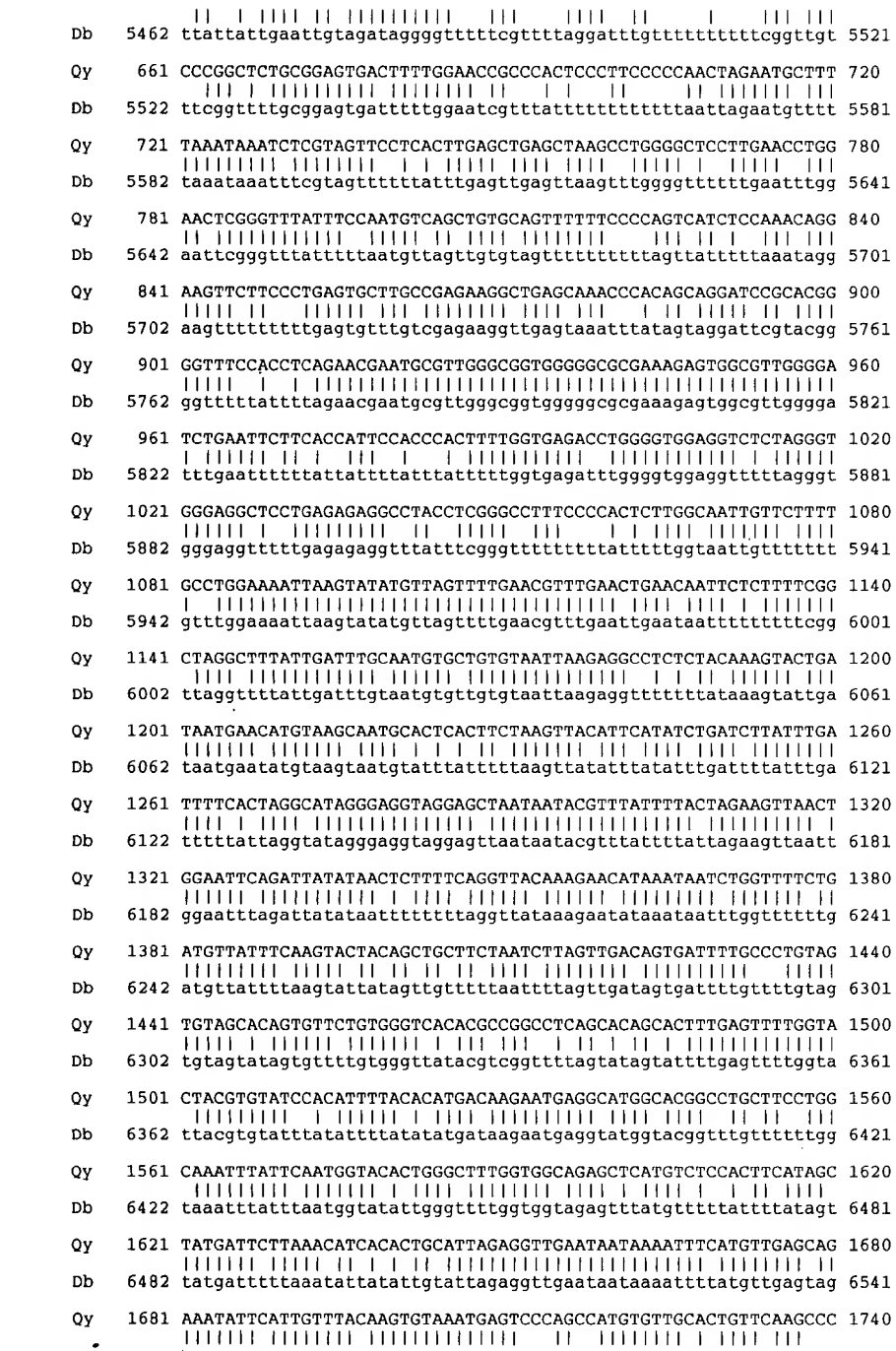
```
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43549 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 43490

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43489 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 43430

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43429 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 43370

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43369 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 43310

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43309 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 43250

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43249 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 43190

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43189 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 43130

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43129 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 43070

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43069 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 43010

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  43009 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 42950

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42949 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 42890

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42889 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 42830

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42829 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 42770

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42769 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 42710

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42709 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 42650

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42649 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 42590

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42589 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 42530

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42529 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 42470

Qy.  4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42469 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 42410

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42409 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 42350

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42349 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 42290

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42289 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 42230

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42229 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 42170

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42169 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 42110

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42109 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 42050

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  42049 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 41990

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41989 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 41930

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41929 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 41870

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41869 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 41810

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41809 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 41750

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41749 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 41690

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41689 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 41630

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41629 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 41570

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41569 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 41510

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41509 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 41450

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41449 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 41390

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  41389 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 41330

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41329 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 41270

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41269 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 41210

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41209 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 41150

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41149 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 41090

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41089 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 41030

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  41029 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 40970

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40969 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 40910

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40909 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 40850

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40849 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 40790

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40789 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 40730

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40729 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 40670

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40669 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 40610

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40609 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 40550

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40549 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 40490

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40489 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 40430

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40429 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 40370

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40369 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 40310

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40309 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 40250
```

```
Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40249 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 40190

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40189 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 40130

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40129 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 40070

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40069 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 40010

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  40009 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 39950

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39949 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 39890

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39889 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 39830

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39829 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 39770

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39769 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 39710

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39709 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 39650

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||
Db  39649 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCCTGGACGTGGCTAGTCAT 39590

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39589 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 39530

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39529 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 39470

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39469 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 39410

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39409 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 39350

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39349 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 39290

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39289 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 39230

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39229 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 39170
```

```
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39169 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 39110

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39109 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 39050

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  39049 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 38990

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38989 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 38930

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38929 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 38870

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db  38869 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCCTGAACCCAGGAGG 38810

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38809 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 38750

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db  38749 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAACTGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 38690

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38689 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 38630

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38629 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 38570

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38569 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCCTTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 38510

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38509 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 38450

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db  38449 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCCTTCA 38390

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38389 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 38330

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38329 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 38270

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38269 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 38210

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38209 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 38150

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38149 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 38090

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38089 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 38030

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  38029 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 37970

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37969 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 37910

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37909 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 37850

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37849 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 37790

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db  37789 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTCTGTTACTACATGCACTTG 37730

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37729 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 37670

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37669 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 37610

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37609 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 37550

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37549 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 37490

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37489 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 37430

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37429 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 37370

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37369 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 37310

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Db  37309 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTACTCGTGTT 37250

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37249 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 37190

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37189 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 37130

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37129 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 37070

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  37069 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 37010

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  37009 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 36950

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          |||||||||||||| ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36949 GTTAATTTTTTTACTAGAACTTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 36890

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36889 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 36830

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36829 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 36770

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36769 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 36710

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36709 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 36650

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36649 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 36590

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36589 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 36530

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36529 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 36470

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||||||
Db  36469 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTCTAATAATGTCATCTTATACTACTGT 36410

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  36409 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 36350

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  36349 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 36325


RESULT  10
ABL34142
ID   ABL34142 standard; DNA; 8622 BP.
XX
AC   ABL34142;
XX
DT   26-MAR-2002  (first entry)
XX
DE   Human immune system associated gene SEQ ID NO: 2115.
XX
KW   Human; immune system disease; cytosine methylation; antiasthmatic;
KW   antiarteriosclerotic; antianaemic; cytostatic; nootropic;
KW   neuroprotective; anti-HIV; anticonvulsant; ophthalmological;
KW   antirheumatic; antiarthritic; antidiabetic; antipsoriatic;
KW   antiinflammatory; cancer; eye disease; arteriosclerosis; anaemia;
KW   acute myeloid leukaemia; Alzheimer's disease; AIDS; epilepsy;
KW   neurofibromatosis; rheumatoid arthritis; psoriasis; bowel disease;
KW   gene; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200200928-A2.
XX
PD   03-JAN-2002.
XX
PF   02-JUL-2001; 2001WO-EP07537.
XX
PR   30-JUN-2000; 2000DE-1032529.
PR   01-SEP-2000; 2000DE-1043826.
XX
PA   (EPIG-) EPIGENOMICS AG.
XX
PI   Olek A,  Piepenbrock C,  Berlin K;
XX
DR   WPI; 2002-130909/17.
XX
PT   Nucleic acid comprising fragment of chemically modified gene, useful
PT   for diagnosis and treatment of diseases associated with abnormal
PT   cytosine methylation  -
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 2115; 32pp + Sequence Listing; German.
XX
CC   The present invention provides a number of human immune system associated
CC   genes which are modified by the methylation of cytosines. The sequences
CC   can be used in the diagnosis and treatment of immune system disorders,
CC   including eye diseases such as retinopathy, neovascular glaucoma and
CC   macular degeneration, arteriosclerosis, anaemia, cancer, acute myeloid
CC   leukaemia, Alzheimer's disease, AIDS, epilepsy, neurofibromatosis,
CC   rheumatoid arthritis, psoriasis and inflammatory/ulcerative bowel
CC   diseases. The present sequence is a gene of the invention.
XX
SQ   Sequence 8622 BP; 2410 A; 100 C; 2013 G; 4099 T; 0 other;


  Query Match             23.6%;  Score 2556.4;  DB 24;  Length 8622;
  Best Local Similarity   80.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 3015;  Conservative    0;  Mismatches  746;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Db   4862 tttaaggttgagataaaatttttaaatgtatgattgaattttgaaaattataaatattta 4921

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||| ||||||| |||| |||| |||||||||| || |||    ||| || || | |    |
Db   4922 aatatttaaagtttagattagaatattgcgaagttatttttttttaattaataatattttt 4981

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          | |||||||||||  |||||||| | ||||| |  |||||||| | ||| |||||  ||
Db   4982 ttaggatttaaaaattaaggggggatattggattatttagtgttttataagtaggtatttt 5041

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           || ||||||||||||||| ||||||| |||||||  ||||| |||| |  ||||||||
Db   5042 ttgttgtaggagagagagaattaaagttttgaaagatttgttgtttttttattaggaagtt 5101

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||| |||| || |  |||| |||| ||||| |||||||||| || |||||  ||   ||
Db   5102 ttattgggtatttttgagtttaggtaatagttgtagggtgatttttggagttattttcg 5161

Qy    301 TTTCCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          |||   ||      |||||||||||||||||||||||||||||  |||| |||||||
Db   5162 ttttttcgtttttttaaaagaagcggagatttaacggggacgtgcggttagagttggggaa 5221

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          |||||  ||||||  ||| ||||| || |  |  ||||| ||||| ||| ||||||  ||
Db   5222 atgggttcgcgagttaggtcggcgttttttttttgatgtttttgtagatcgcggttttg 5281

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          |||||||  ||| |||||||| ||||||  |||||||||| ||||||||||||||||||||
Db   5282 tagggggcgtttgttgcgtgagttcgagggttgcgggcgaattaggggcgcggcgggggtg 5341

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          |||||||||||| ||| ||||| |||||| |||||||||| ||| |||||||||  ||
Db   5342 gaaaaatcgaaattagttttttttttgcgtttgggagtttgttaattttggaggatttgt 5401

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          | ||   ||| || |||    | |   || ||| |||||  |||   ||||||||||||
Db   5402 ttaattttattcgtaagttttttttttttattttttgcgtttagatttcgtgagggagtgt 5461

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
```


Db 5462 ttattattgaattgtagataggggtttttcgttttaggatttgtttttttttttcggttgt 5521
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 5522 ttcggttttgcggagtgatttttggaatcgtttatttttttttttttaattagaatgtttt 5581
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 5582 taaataaatttcgtagttttttatttgagttgagttaagtttggggtttttgaatttgg 5641
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 5642 aattcgggtttatttttaatgttagttgtgtagtttttttttagttatttttaaatagg 5701
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 5702 aagtttttttttgagtgtttgtcgagaaggttgagtaaatttatagtaggattcgtacgg 5761
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 5762 ggtttttatttagaacgaatgcgttgggcggtgggggcgcgaaagagtggcgttgggga 5821
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 5822 tttgaatttttattatttttatttatttttggtgagatttggggtggaggtttttagggt 5881
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 5882 gggaggtttttgagagaggtttatttcgggttttttttttatttttggtaattgttttttt 5941
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 5942 gtttggaaaattaagtatatgttagttttgaacgtttgaattgaataatttttttttcgg 6001
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 6002 ttaggttttattgatttgtaatgtgttgtgtaattaagaggttttttttataaagtattga 6061
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 6062 taatgaatatgtaagtaatgtatttatttttaagttatatttatatttgattttatttga 6121
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 6122 tttttattaggtatagggaggtaggagttaataatacgtttatttttattagaagttaatt 6181
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 6182 ggaatttagattatataatttttttttaggttataaagaatataaataatttggtttttttg 6241
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 6242 atgttatttttaagtattatagttgtttttaattttagttgatagtgattttgttttgtag 6301
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 6302 tgtagtatagtgttttgtgggttatacgtcggttttagtatagtatttttgagttttggta 6361
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 6362 ttacgtgtatttatattttatatatgataagaatgaggtatggtacggtttgttttttgg 6421
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 6422 taaatttatttaatggtatattgggttttggtggtagagtttatgtttttattttatagt 6481
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 6482 tatgattttaaatattatattgtattagaggttgaataataaaattttatgttgagtag 6541
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 6542 aaatatttattgtttataagtgtaaatgagttttagttatgtgttgtattgtttaagttt 6601
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 6602 taagggagagagtagggaaataagtttttattttttgatattttgtattttagtgggaga 6661
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 6662 gatgataataagtaaatgagtagaaagatatataatattaggaaattatgggtgttgtga 6721
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 6722 gaagtagagaagttagggtaagttattttggggttgatatttgagtagagatatgaagga 6781
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 6782 aataagaatgatattgattgggagtagtatttttttaggtaaattgagtgggtttggtaag 6841
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040
Db 6842 ttggattaaaaagcgggtttttttagtattatttatgtgtgtgtgtgtgggggggggggg 6901
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 6902 cggcgtgggggtgggaagggggattattatttgtatgtaggatgtttagtagtattttgt 6961
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 6962 ttttttatttattaggtgttaggagtatttttttagttttgataattaaaaatgttttt 7021
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 7022 aaattttgttatatgttatttagtagataaatttttggttaagaagttcgggttgaaaaa 7081
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 7082 aataaataagtagtgttggggagtagaggttaagaagtaggtaatgggtttagaagagga 7141
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 7142 gttataaataaggttgtgtaggcgtttgtaggttgtggtgtgaattttagttaaggagta 7201
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 7202 atagtgatttgttataggtttttaaaagattgttttggttgttatgtggaaagtagaatg 7261
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 7262 aagggagtaatagtaaaagtagggagtttagttaggaagttgttatatagtttaggtaag 7321
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 7322 aggtagtggagtgggttgggtgggaatagaaaagggagtgataaattattgttttttgaa 7381
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 7382 tatattttgaaggaagttgttgaaggattttatgttgtgtgagagaaagagaagaattgg 7441
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 7442 ttgggtgtagtagtttatgttaaggaggaggttaaggagagtagatttttgagtttagga 7501
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 7502 gtttaagattagtttgggtaatatagtaaaatttttttttataaaaaatataaaaatta 7561
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 7562 gttgggtgtggtggtatgtatttgtgattttagttattcgggaggttgaggtggagggta 7621
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 7622 ttgtttgagtttaggaagttgaggttgtagtgagttatgattgttattgtatttttagt 7681

```
Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||| |||| ||||   ||| |    |||     ||||||||||||||||||||
Db   7682 ttaggtgatagagtaagattttgttttttttgatttttgaaaaagagaagagttaaagt 7741

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||| |||||| ||||||||||||||||||  |||| ||||||||||||| ||||  ||
Db   7742 tgattttgttttttatttaattttattggtttgagtagtggggtaattggtaatgttat 7801

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          || |||||||||||| |||||||||| |||||||||||||| |||||| || ||||
Db   7802 ttttgagatggtgaaggtagaggaaagagtagtttggggtaaattaaggatttgtattt- 7860

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||| ||||||||||||||||  ||| ||| ||  |||||||||||  | ||||| ||||
Db   7861 ggatatgttaagtttgagattttagttaggtttttaagtggtgaggttatataggtagtt 7920

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          |||||||||||| |||| |||| |||| ||||||| | | || ||||||   || | |
Db   7921 tagtgtaagaatttaggattaaggttgggtacggtggtttatttttgtaatttttagtatt 7980

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||| ||||| |||||||| |||||||| |||||||||||| ||| ||||  || |
Db   7981 ttggtggttgaggtaggtagattatttgaggttaggagtttgagataagtttggttaata 8040

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||    |||| || |||||||| |||||||||  ||||||||||||| |||  |
Db   8041 tggtgaaattttatgtttattaaaaatataaaaattagtttggtgtggtggcgtacgttt 8100

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          |||||   ||||||| |||||| ||||||||||||||   |||||   |||||||| |||
Db   8101 atagttttaggttttaggaggtttaggtaggagaatttttttgaatttaggaggtgtagg 8160

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||| |||||| |||||||||  | || | |  ||  |||||||||||||||| | |||
Db   8161 ttgtagtgagttgagattgtgttattgtatttagtttgggtgatagagtgagatttttgt 8220

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
            | ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||  | ||||||||||
Db   8221 tttaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaattgaaggaattatttttttaggatttggg 8280

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          | |||||||   |||| |  || |  |||||| || ||  |||| |||| | |  ||||
Db   8281 tttaatttgttttgagtattaatttttgagtttaattattatggttagatatatttttaat 8340

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||| ||||||  |  || |||||||||| ||| |||| ||||||||||||||||||
Db   8341 atttttagaatttattagttttagtggagtttgtttaattatgagtattggaataggat 8400

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
            |||||| |||||||||||| ||  |||||||| ||||||||| | | ||||||||||
Db   8401 ttgggggtagtgaggggggtggtagttacgtgtggtagagaaaagtatataaggaaagagt 8460

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          |   |||| ||| |||||||||||||| |||| || || | |   || | ||||||||||
Db   8461 atttaggattgttatatggaagaaagataggattgtaatttatttttttataaaatgagga 8520

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
            ||| | || ||||||||||||||||| |||||||||||  | || ||  || |
Db   8521 ttagatatagttgatggtatgagttgatgtaggtgtgtggagtttaatattttgttttt 8580

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGG 3762
            |  || || | ||||||||||  ||||| | ||| |  |||
Db   8581 tttttattatatatggttaaggtttgttgttttgtttttagg 8622


RESULT  11
ABL34143/c
ID   ABL34143 standard; DNA; 8622 BP.
XX
AC   ABL34143;
XX
DT   26-MAR-2002  (first entry)
XX
DE   Human immune system associated gene SEQ ID NO: 2116.
XX
KW   Human; immune system disease; cytosine methylation; antiasthmatic;
KW   antiarteriosclerotic; antianaemic; cytostatic; nootropic;
KW   neuroprotective; anti-HIV; anticonvulsant; ophthalmological;
KW   antirheumatic; antiarthritic; antidiabetic; antipsoriatic;
KW   antiinflammatory; cancer; eye disease; arteriosclerosis; anaemia;
KW   acute myeloid leukaemia; Alzheimer's disease; AIDS; epilepsy;
KW   neurofibromatosis; rheumatoid arthritis; psoriasis; bowel disease;
KW   gene; ds.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO200200928-A2.
XX
PD   03-JAN-2002.
XX
PF   02-JUL-2001; 2001WO-EP07537.
XX
PR   30-JUN-2000; 2000DE-1032529.
PR   01-SEP-2000; 2000DE-1043826.
XX
PA   (EPIG-) EPIGENOMICS AG.
XX
PI   Olek A,  Piepenbrock C,  Berlin K;
XX
DR   WPI; 2002-130909/17.
XX
PT   Nucleic acid comprising fragment of chemically modified gene, useful
PT   for diagnosis and treatment of diseases associated with abnormal
PT   cytosine methylation  -
XX
PS   Claim 1; SEQ ID NO 2116; 32pp + Sequence Listing; German.
XX
CC   The present invention provides a number of human immune system associated
CC   genes which are modified by the methylation of cytosines. The sequences
CC   can be used in the diagnosis and treatment of immune system disorders,
CC   including eye diseases such as retinopathy, neovascular glaucoma and
CC   macular degeneration, arteriosclerosis, anaemia, cancer, acute myeloid
CC   leukaemia, Alzheimer's disease, AIDS, epilepsy, neurofibromatosis,
CC   rheumatoid arthritis, psoriasis and inflammatory/ulcerative bowel
CC   diseases. The present sequence is a gene of the invention.
XX
SQ   Sequence 8622 BP; 2397 A; 100 C; 1802 G; 4323 T; 0 other;


  Query Match             20.8%;  Score 2248.8;  DB 24;  Length 8622;
  Best Local Similarity   75.1%;  Pred. No. 0;
  Matches 2822;  Conservative    0;  Mismatches  937;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           |||||  || | ||||||||||||||| ||| ||| |||||| ||||||||||||||||||
Db    3761 TCTAAAATTAAAATAAAATTTTTAAATATATAATTAAATTTTAAAAATCATAAATATTTA 3702

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           |||||||||| |||| |||| |||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||
Db    3701 AATATCTAAAATTCAAATCAAAACATTACGAAACTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 3642

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           |||  ||||||||||||      |||||  |||||||| | |||||||| ||  ||||||
Db    3641 TCAAAATTTAAAAACCAAAAAAAACACTAAATCACCTAATATTTCACAAACAAATACCTT 3582

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           || || ||  | | | | ||||||| |||| ||| |||| || ||||||||||  || ||
Db    3581 CTACTATAAAAAAAAAAAAACTAAAATTCTAAAAAACCTATTACTTTTCACCAAAAAATT 3522

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           |||||   |||||||| | ||||  ||||| || ||   | ||||||  | |||||||||
Db    3521 TTACTAAACATCTCCTAAACCTAAACAATAACTATAAAATAACTTCTAAAACCATCCCCG 3462

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           |||||||||||||||||| || || | ||||||||   |||| || ||| | ||    ||
```

```
Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db   1241 TATATTCTAAAAAAAATTACTAAAAAATTCTATATTATATAAAAAAAAAAAAAAAATTAA 1182

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db   1181 CTAAATATAATAACTCATACCAAAAAAAAAACCAAAAAAAACAAATTCCTAAACTCAAAA 1122

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db   1121 ATTCAAAACCAACCTAAACAACACAACAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 1062

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db   1061 ACTAAATATAATAACATACACCTATAATCCTAACTACTCGAAAAACTAAAATAAAAAATA 1002

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db   1001 TTACTTAAACCCAAAAAATTAAAACTACAATAAACCATAACTATACCACTATACTTCAAC 942

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db    941 CTAAATAACAAAACAAAACCCTATCTCCCCTAACCCCCTAAAAAAAAAAAAAATTAAAAT 882

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db    881 TAACTTTATTCTTTATTTTAATTTTATTAACCTAAACAATAAAATAATTAACAATACCAT 822

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db    821 TTCTAAAATAATAAAAACAAAAAAAAAAACAATTTAAAATAAATCAAAAATCTACATTT- 761

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db    762 AAACATATTAAATTTAAAATTCCAATCAAACTTCCAAATAATAAAACCACATAAACAATT 703

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db    702 CAATATAAAAATTCAAAACCAAAACTAAACACGATAACTCACTTCTATAATCCCAACACT 643

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db    642 TTAATAACTAAAACAAATAAATCATTTAAAATCAAAAATTTAAAACAAACTTAACCAACA 583

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db    582 TAATAAAACCCCATATCTACTAAAAATACAAAAATTAACCTAATATAATAACGCACGCCT 523

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db    522 ATAATCCCAAATTTTCAAAAAACTTAAATAAAAAAATCCCTTAAACCCAAAAAATACAAA 463

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db    462 TTACAATAAACTAAAATTATACCACTACACTCCAACCTAAATAATAAAATAAAACTCTAT 403

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db    402 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTAAAAAAATTATTCCTCAAAATTTAAA 343

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTTAAC 3480
Db    342 TCTAATTTACCCTAAACACCAACTCCTAAATTCAACTACCATAACTAAACACACCTTTAAC 283

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db    282 ATTTTCTAAAATCCACCAACTTTAATAAAATCTATCTAATCATAAATATTAAAATAAAAT 223

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db    222 CTAAAAACAATAAAAAAATAACAACCACGTATAACAAAAAAAAACACACAAAAAAAAAC 163

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db    162 ACCCAAAACTATCATATAAAAAAAAAACAAAACTACAACTCACCCTTCACAAAATAAAAA 103

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db    102 CCAAACACAACTAATAATATAAATTAATACAAATATATAAAACCTCAACATCCTACTCCC 43

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCA 3760
Db     42 CTCCTACTACACATAATTAAAACCTATTACTCTATCTCCA 3
```

RESULT 12
AAL36748
ID AAL36748 standard; DNA; 1712 BP.
XX
AC AAL36748;
XX
DT 08-JAN-2002 (first entry)
XX
DE Human musculoskeletal system related polynucleotide SEQ ID NO 3113.
XX
KW Cytostatic; immunosuppressive; nootropic; neuroprotective; antiviral;
KW antiallergic; hepatotropic; antidiabetic; antiinflammatory; antiulcer;
KW vulnerary; anticonvulsant; antibacterial; antifungal; antiparasitic;
KW cardiant; gene therapy; cancer; immune disorder; cardiovascular disorder;
KW neurological disease; infection; human; secreted protein;
KW musculoskeletal system; ds.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN WO200155367-A1.
XX
PD 02-AUG-2001.
XX
PF 17-JAN-2001; 2001WO-US01338.
XX
PR 31-JAN-2000; 2000US-0179065.
PR 04-FEB-2000; 2000US-0180628.
PR 24-FEB-2000; 2000US-0184664.
PR 02-MAR-2000; 2000US-0186350.
PR 16-MAR-2000; 2000US-0189874.
PR 17-MAR-2000; 2000US-0190076.
PR 18-APR-2000; 2000US-0198123.
PR 19-MAY-2000; 2000US-0205515.
PR 07-JUN-2000; 2000US-0209467.
PR 28-JUN-2000; 2000US-0214886.
PR 30-JUN-2000; 2000US-0215135.
PR 07-JUL-2000; 2000US-0216647.
PR 07-JUL-2000; 2000US-0216880.
PR 11-JUL-2000; 2000US-0217487.
PR 11-JUL-2000; 2000US-0217496.
PR 14-JUL-2000; 2000US-0218290.
PR 26-JUL-2000; 2000US-0220963.
PR 26-JUL-2000; 2000US-0220964.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0224518.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0224519.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225213.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225214.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225266.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225267.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225268.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225270.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225447.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225757.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225758.
PR 14-AUG-2000; 2000US-0225759.
PR 18-AUG-2000; 2000US-0226279.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0226681.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0226868.
PR 22-AUG-2000; 2000US-0227182.
PR 23-AUG-2000; 2000US-0227009.
PR 30-AUG-2000; 2000US-0228924.

PR 01-SEP-2000; 2000US-0229287.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229343.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229344.
PR 01-SEP-2000; 2000US-0229345.
PR 05-SEP-2000; 2000US-0229509.
PR 05-SEP-2000; 2000US-0229513.
PR 06-SEP-2000; 2000US-0230437.
PR 06-SEP-2000; 2000US-0230438.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231242.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231243.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231244.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231413.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0231414.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0232080.
PR 08-SEP-2000; 2000US-0232081.
PR 12-SEP-2000; 2000US-0231968.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232397.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232398.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232399.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232400.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0232401.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233063.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233064.
PR 14-SEP-2000; 2000US-0233065.
PR 21-SEP-2000; 2000US-0234223.
PR 21-SEP-2000; 2000US-0234274.
PR 25-SEP-2000; 2000US-0234997.
PR 25-SEP-2000; 2000US-0234998.
PR 26-SEP-2000; 2000US-0235484.
PR 27-SEP-2000; 2000US-0235834.
PR 27-SEP-2000; 2000US-0235836.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236327.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236367.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236368.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236369.
PR 29-SEP-2000; 2000US-0236370.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0236802.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237037.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237038.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237039.
PR 02-OCT-2000; 2000US-0237040.
PR 13-OCT-2000; 2000US-0239935.
PR 13-OCT-2000; 2000US-0239937.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0240960.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241221.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241785.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241786.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241787.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241808.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241809.
PR 20-OCT-2000; 2000US-0241826.
PR 01-NOV-2000; 2000US-0244617.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246474.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246475.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246476.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246477.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246478.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246523.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246524.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246525.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246526.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246527.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246528.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246532.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246609.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246610.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246611.
PR 08-NOV-2000; 2000US-0246613.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249207.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249208.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249209.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249210.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249211.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249212.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249213.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249214.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249215.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249216.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249217.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249218.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249244.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249245.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249264.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249265.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249297.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249299.
PR 17-NOV-2000; 2000US-0249300.
PR 01-DEC-2000; 2000US-0250160.
PR 01-DEC-2000; 2000US-0250391.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0251030.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0251988.
PR 05-DEC-2000; 2000US-0256719.
PR 06-DEC-2000; 2000US-0251479.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251856.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251868.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251869.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251989.
PR 08-DEC-2000; 2000US-0251990.
PR 11-DEC-2000; 2000US-0254097.
PR 05-JAN-2001; 2001US-0259678.
XX
PA (HUMA-) HUMAN GENOME SCI INC.
XX
PI Rosen CA, Barash SC, Ruben SM;
XX
DR WPI; 2001-451937/48.
XX
PT Isolated polypeptide for treating, preventing and/ or prognosing
PT disorders related to the musculoskeletal system including
PT musculoskeletal cancers and also for testing and detection e.g.
PT diagnosis -
XX
PS Example 2; SEQ ID NO 3113; 781pp + Sequence Listing; English.
XX
CC The invention relates to novel genes (AAL34669-AAL37666) and proteins
CC (ABB03087-ABB04109) associated with the musculoskeletal system useful
CC for preventing, treating or ameliorating medical conditions e.g. by
CC protein or gene therapy. The genes are isolated from a range of human
CC tissues disclosed in the specification. The nucleic acids, proteins,
CC antibodies and (ant)agonists are useful in the diagnosis, treatment
CC and prevention of: (a) cancer, e.g. breast and ovarian cancer and
CC other cancers of the adrenal gland, bone, bone marrow, breast,
CC gastrointestinal tract, liver, lung, or urogenital; (b) immune
CC disorders e.g. Addison's disease, allergies, autoimmune haemolytic
CC anaemia, autoimmune thyroiditis, diabetes mellitus, Crohn's disease,
CC multiple sclerosis, rheumatoid arthritis and ulcerative colitis;
CC (c) cardiovascular disorders such as myocardial ischaemias; (d) wound
CC healing; (e) neurological diseases e.g. cerebral anoxia and epilepsy;
CC and (f) infectious diseases such as viral, bacterial, fungal and
CC parasitic infections.
CC Note: The sequence data for this patent did not form part of the
CC printed specification, but was obtained in electronic format directly
CC from WIPO at ftp.wipo.int/pub/published_pct_sequences.
XX
SQ Sequence 1712 BP; 487 A; 361 C; 375 G; 489 T; 0 other;

Query Match 15.8%; Score 1712; DB 22; Length 1712;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.3e-291;
Matches 1712; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

Qy 8039 TACATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCC 8098
||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 1 tacatgcattactgcatgcacttcttacaataattctatgagataggtactattatcccc 60

Qy 8099 ATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATC 8158

```
Db      61 atttctttttaaatgaagaaagtgaagtaggccgggcacggtggctcacgcctgtaatc 120

Qy    8159 CCAGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTG 8218

Db     121 ccagcactttgggaggccaaagcgggtggatcacgaggtcaggagatcgagaccatcctg 180

Qy    8219 GCTAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGC 8278

Db     181 gctaacatggtgaaaccccatctctaataaaaatacaaaaaattagctgggcgtggtggc 240

Qy    8279 AGACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGA 8338

Db     241 agacgcctgtagtcccagctactcggaaggctgaggcaggagaatggcatgaacccagga 300

Qy    8339 GGCAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGA 8398

Db     301 ggcagagcttgcagtgagccgagtttgcgccactgcactccagcctaggtgacagagtga 360

Qy    8399 GACTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAG 8458

Db     361 gactccatctcaaaaaaataaaaataaaaataaaaaaatgaaaaaaaaaagaaagtgaag 420

Qy    8459 TATAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGAC 8518

Db     421 tatagagtatctcatagtttgtcagtgatagaaacaggtttcaaactcagtcaatctgac 480

Qy    8519 CGTTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAG 8578

Db     481 cgtttgatacatctcagacaccactacattcagtagtttagatgcctagaataaatagag 540

Qy    8579 AAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCAC 8638

Db     541 aaggaaggagatggctcttctcttgtctcattgtgtttcttctgagtgagcttgaatcac 600

Qy    8639 ATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAG 8698

Db     601 atgaaggggaacagcagaaaacaaccaactgatcctcagctgtcatgtttcctttaaaag 660

Qy    8699 TCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATT 8758

Db     661 tccctgaaggaaggtcctggaatgtgactcccttgctcctctgttgctctctttggcatt 720

Qy    8759 CATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGG 8818

Db     721 catttctttggaccctacgcaaggactgtaattggtggggacagctagtggccctgctgg 780

Qy    8819 GCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATT 8878

Db     781 gcttcacacacggtgtcctccctaggccagtgcctctggagtcagaactctggtggtatt 840

Qy    8879 TCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAG 8938

Db     841 tccctcaatgaagtggagtaagctctctcattttgagatggtataatggaagccaccaag 900

Qy    8939 TGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAA 8998

Db     901 tggcttagaggatgcccaggtccttccatggagccactggggttccggtgcacattaaaa 960

Qy    8999 AAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTT 9058

Db     961 aaaaaatctaaccaggacattcaggaattgctagattctgggaaatcagttcaccatgtt 1020

Qy    9059 CAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATG 9118

Db    1021 caaaagagtctttttttttttttgagactctattgcccaggctggagtgcaatggcatg 1080

Qy    9119 ATCTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCC 9178

Db    1081 atctcggctcactgtaacctctgcctcccaggttcaagcgattctcctgtctcagcctcc 1140

Qy    9179 CAAGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTA 9238

Db    1141 caagtagctgggattacaggcgtgcaccaccatgcccggctaatttttgtatttttagta 1200

Qy    9239 GAGACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCG 9298

Db    1201 gagacagggtttcaccatgttggccaggctggtctcgaactctcctgacctcgtgatccg 1260

Qy    9299 CCTGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCA 9358

Db    1261 cctgcctcggcctcccaaagtgctgagattacaggtgtgagccaccctgcccagccgtca 1320

Qy    9359 AAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACT 9418

Db    1321 aaagagtcttaatatatatatccagatggcatgtgtttactttatgttactacatgcact 1380

Qy    9419 TGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCAT 9478

Db    1381 tggctgcataaatgtggtacaagcattctgtcttgaagggcaggtgcttcaggataccat 1440

Qy    9479 ATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTC 9538

Db    1441 atacagctcagaagtttcttctttaggcattaaatttagcaaagatatctcatctcttc 1500

Qy    9539 TTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGAT 9598

Db    1501 ttttaaaccatttttctttttttgtggttagaaaagttatgtagaaaaaagtaaatgtgat 1560

Qy    9599 TTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCC 9658

Db    1561 ttacgctcattgtagaaaagctataaaatgaatacaattaaagctgttatttaattagcc 1620

Qy    9659 AGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATG 9718

Db    1621 agtgaaaaactattaacaacttgtctattacctgttagtattattgttgcattaaaaatg 1680

Qy    9719 CATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTA 9750

Db    1681 catatactttaataaatgtatattgtattgta 1712


RESULT 13
AAA96769
ID   AAA96769 standard; cDNA; 2506 BP.
XX
AC   AAA96769;
XX
DT   19-FEB-2001  (first entry)
XX
DE   cDNA sequence encoding a histocompatibility iron loading (HFE) protein.
XX
KW   Human; histocompatibility iron loading protein; HFE protein;
KW   major histocompatibility complex; non-classical class I gene;
KW   chromosome 6p; iron disorder; haemochromatosis; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
FH   Key             Location/Qualifiers
FT   CDS             1..1044
FT                   /*tag=  a
FT                   /product= "histocompatibility iron loading (HFE) protein"
FT   sig_peptide     1..66
FT                   /*tag=  b
FT   mutation        187
FT                   /*tag=  c
FT                   /note= "if this base is mutated to G, then the
FT                         protein contains the mutation H63D"
FT   mutation        193
FT                   /*tag=  d
FT                   /note= "if this base is mutated to T, then the
FT                         protein contains the mutation S65C"
FT   mutation        277
FT                   /*tag=  e
FT                   /note= "if this base is mutated to C, then the
FT                         protein contains the mutation G93R"
```

```
FT   mutation        314
FT                   /*tag=  f
FT                   /note= "if this base is mutated to C, then the
FT                          protein contains the mutation I105T, which
FT                          is associated with an iron overload disorder"
XX
PN   WO200058515-A1.
XX
PD   05-OCT-2000.
XX
PF   24-MAR-2000; 2000WO-US07982.
XX
PR   26-MAR-1999;   99US-0277457.
XX
PA   (BILL-) BILLUPS-ROTHENBERG INC.
XX
PI   Rothenberg BE,  Sawada-Hirai R,  Barton JC;
XX
DR   WPI; 2000-647244/62.
DR   P-PSDB; AAB19149.
XX
PT   Diagnosing an iron disorder e.g. hemochromatosis or a genetic
PT   susceptibility to develop it, by determining the presence of a mutation
PT   in exon 2 or an intron of a histocompatibility iron loading nucleic
PT   acid -
XX
PS   Disclosure; Page 2-3; 55pp; English.
XX
CC   The present sequence encodes a human histocompatibility iron loading
CC   (HFE) protein. The HFE gene is a major histocompatibility (MHC)
CC   non-classical class I gene located on chromosome 6p. Mutations in the
CC   gene lead to iron disorders. The specification describes a method for
CC   diagnosing an iron disorder or a genetic susceptibility to develop the
CC   disorder in a mammal. The method comprises determining the presence of
CC   a mutation in exon 2 or an intron of a HFE gene or protein. The mutation
CC   is not a C to G missense mutation at nucleotide 187 of the sequence
CC   given in A96769 (Genbank Accession number U60319). The presence of the
CC   mutation indicates the disorder or the genetic susceptibility to the
CC   disorder. The method is used to diagnose an iron disorder
CC   e.g. haemochromatosis, or a genetic susceptibility to develop it.
XX
SQ   Sequence 2506 BP; 648 A; 552 C; 596 G; 710 T; 0 other;
```

Query Match 9.7%; Score 1051.6; DB 21; Length 2506;
Best Local Similarity 98.7%; Pred. No. 1.8e-175;
Matches 1060; Conservative 0; Mismatches 14; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   7104 CAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGAC 7163
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1004 caagaggagccatggggcactacgtcttagctgaacgtgagtgacacgcagcctgcagac 1063

Qy   7164 TCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTC 7223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1064 tcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaagagggagtgcatttatgagctcttc 1123

Qy   7224 ATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTA 7283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1124 atgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaattgcctgacgaactccttgatttta 1183

Qy   7284 GCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATG 7343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1184 gccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccatttaggtttctgagttcctgcatg 1243

Qy   7344 CCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCA 7403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1244 ccggtgatccctagctgtgacctctcccctggaactgtctctcatgaacctcaagctgca 1303

Qy   7404 TCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATT 7463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1304 tctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagagacatacacctatgtcatttcatt 1363

Qy   7464 TCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 7523
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1364 tcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggacttacatgattcattttaacatc 1423

Qy   7524 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACAT 7583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1424 tgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcataaccttaccagatttttacacat 1483

Qy   7584 GTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACC 7643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1484 gtatctatgcattttctggacccgttcaacttttcctttgaatcctctctctgtgttacc 1543

Qy   7644 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 7703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1544 cagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttccatctgattgtgatgtgagttgc 1603

Qy   7704 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 7763
          |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1604 acagctatgaaggctgtgcactgcacgaatggaagaggcacctgtcccagaaaaagcatc 1663

Qy   7764 ATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAA 7823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1664 atggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagcaggtaggaggcaaatatcttgaa 1723

Qy   7824 AGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 7883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1724 aggggttgtgaagaggtgtttttttctaattggcatgaaggtgtcatacagatttgcaaag 1783

Qy   7884 TTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATA 7943
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1784 tttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtattccagacctgaagaatcacaata 1843

Qy   7944 ATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 8003
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1844 attttctacctggtctctccttgttctgataatgaaaattatgataaggatgataaaagc 1903

Qy   8004 ACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCT 8063
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1904 acttacttcgtgtccgactcttctgagcacctacttacatgcattactgcatgcacttct 1963

Qy   8064 TACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTG 8123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1964 tacaataattctatgagataggtactattatccccatttctttttaaatgaagaaagtg 2023

Qy   8124 AAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCA 8177
          |||||||||||||||||||||| ||||||| ||||||    || ||   ||
Db   2024 aagtaggccgggcacggtggctcgcgcctgtggtcccagggtgctgagattgca 2077
```

```
RESULT  14
AAV23525
ID   AAV23525 standard; mRNA; 2727 BP.
XX
AC   AAV23525;
XX
DT   10-JUL-1998  (first entry)
XX
DE   Haemochromatosis gene.
XX
KW   Hereditary haemochromatosis; HC gene; HH identification; diagnosis;
KW   autosomal recessive disorder; ss.
XX
OS   Homo sapiens.
XX
PN   WO9807884-A1.
XX
PD   26-FEB-1998.
XX
PF   22-AUG-1997;   97WO-AU00539.
XX
PR   03-SEP-1996;   96AU-0002083.
PR   23-AUG-1996;   96AU-0001849.
XX
PA   (COUN-) COUNCIL QUEENSLAND INST MEDICAL RES.
```

XX
PI Busfield F, Cullen LM, Jazwinska EC, Powell LW;
XX
DR WPI; 1998-179064/16.
XX
PT Detection of autosomal recessive disorder - particularly hereditary
PT haemochromatosis, by detecting a mutation in the HC gene
XX
PS Disclosure; Page -; 32pp; English.
XX
CC This sequence represents the haemochromatosis (HC) gene. Mutations in
CC this sequence are detected using the method of the invention. The method
CC is for identifying an individual with hereditary haemochromatosis (HH) or
CC a predisposition to develop HH or to genetically pass on HH to an
CC offspring, comprising isolating a biological sample and amplifying a
CC region of genomic DNA in the biological sample encompassing all or part
CC of the DNA between markers D6S265 and D6S276, and detecting at least one
CC homozygous or heterozygous mutation in a nucleotide within the region.
CC The method can also be used for identifying an individual with an
CC autosomal recessive disorder (ARD) or predisposition to develop and/or
CC genetically pass on an ARD to an offspring, comprises isolating a
CC biological sample from the individual and screening genomic DNA in the
CC sample for the presence of a homozygous or heterozygous mutation in a
CC gene, the normal function of which, is required to prevent progression of
CC the disorder. The method(s) can be used to identify individuals that are
CC homozygous or heterozygous (carriers) for the mutation causing the ARD.
CC Especially the method is used to diagnose HH or predisposition to HH by
CC detecting a Cys282Tyr substitution. Individuals homozygous for this
CC mutation have HH and heterozygotes are potential carriers of the
CC disease.
XX
SQ Sequence 2727 BP; 702 A; 606 C; 660 G; 759 T; 0 other;

Query Match 9.7%; Score 1051.6; DB 19; Length 2727;
Best Local Similarity 98.7%; Pred. No. 1.9e-175;
Matches 1060; Conservative 0; Mismatches 14; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   7104 CAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACGTGAGTGACACGCAGCCTGCAGAC 7163
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1225 caagaggagccatggggcactacgtcttagctgaacgtgagtgacacgcagcctgcagac 1284

Qy   7164 TCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGAGGGAGTGCATTTATGAGCTCTTC 7223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1285 tcactgtgggaaggagacaaaactagagactcaaagagggagtgcatttatgagctcttc 1344

Qy   7224 ATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATTGCCTGACGAACTCCTTGATTTTA 7283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1345 atgtttcaggagagagttgaacctaaacatagaaattgcctgacgaactccttgatttta 1404

Qy   7284 GCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCATTTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATG 7343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1405 gccttctctgttcatttcctcaaaaagatttccccatttaggtttctgagttcctgcatg 1464

Qy   7344 CCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTGTCTCTCATGAACCTCAAGCTGCA 7403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1465 ccggtgatccctagctgtgacctctccctggaactgtctctcatgaacctcaagctgca 1524

Qy   7404 TCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAGACATACACCTATGTCATTTCATT 7463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1525 tctagaggcttccttcatttcctccgtcacctcagagacatacacctatgtcatttcatt 1584

Qy   7464 TCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGACTTACATGATTCATTTTAACATC 7523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1585 tcctatttttggaagaggactccttaaatttgggggacttacatgattcatttaacatc 1644

Qy   7524 TGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCATAACCTTACCAGATTTTTACACAT 7583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1645 tgagaaaagctttgaaccctgggacgtggctagtcataaccttaccagatttttacacat 1704

Qy   7584 GTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCTTTGAATCCTCTCTCTGTGTTACC 7643
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1705 gtatctatgcattttctggacccgttcaacttttccttttgaatcctctctctgtgttacc 1764

Qy   7644 CAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTCCATCTGATTGTGATGTGAGTTGC 7703
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1765 cagtaactcatctgtcaccaagccttggggattcttccatctgattgtgatgtgagttgc 1824

Qy   7704 ACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAGGCACCTGTCCCAGAAAAAGCATC 7763
          |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1825 acagctatgaaggctgtgcactgcacgaatggaagaggcacctgtcccagaaaaagcatc 1884

Qy   7764 ATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGCAGGTAGGAGGCAAATATCTTGAA 7823
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1885 atggctatctgtgggtagtatgatgggtgtttttagcaggtaggaggcaaatatcttgaa 1944

Qy   7824 AGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGAAGGTGTCATACAGATTTGCAAAG 7883
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1945 aggggttgtgaagaggtgtttttttctaattggcatgaaggtgtcatacagatttgcaaag 2004

Qy   7884 TTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTATTCCAGACCTGAAGAATCACAATA 7943
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2005 tttaatggtgccttcatttgggatgctactctagtattccagacctgaagaatcacaata 2064

Qy   7944 ATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAAATTATGATAAGGATGATAAAAGC 8003
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2065 attttctacctggtctctccttgttctgataatgaaaattatgataaggatgataaaagc 2124

Qy   8004 ACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACATGCATTACTGCATGCACTTCT 8063
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2125 acttacttcgtgtccgactcttctgagcacctacttacatgcattactgcatgcacttct 2184

Qy   8064 TACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTG 8123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2185 tacaataattctatgagataggtactattatccccatttctttttaaatgaagaaagtg 2244

Qy   8124 AAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGCACTTTGGGAGGCCA 8177
          ||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||| || ||  ||
Db   2245 aagtaggccgggcacggtggctcgcgcctgtggtcccagggtgctgagattgca 2298
```

RESULT 15
AAC68440
ID AAC68440 standard; DNA; 517 BP.
XX
AC AAC68440;
XX
DT 21-FEB-2001 (first entry)
XX
DE Human hereditary hemochromatosis DNA used for mutation detection.
XX
KW HH; hereditary hemochromatosis; chelation agent;
KW T-cell differentiation factor; iron overload; ss.
XX
OS Homo sapiens.
XX
PN US6140305-A.
XX
PD 31-OCT-2000.
XX
PF 04-APR-1997; 97US-0834497.
XX
PR 04-APR-1996; 96US-0630912.
PR 16-APR-1996; 96US-0632673.
PR 23-MAY-1996; 96US-0652265.
XX
PA (BIRA) BIO-RAD LAB INC.
XX
PI Thomas WJ, Drayna DT, Gnirke A, Ruddy D, Tsuchihashi Z, Wolff RK;
PI Feder JN;
XX
DR WPI; 2001-006341/01.
XX
PT New hereditary hemochromatosis gene products or polypeptides, useful
PT for treating hereditary hemochromatosis in a patient, and as a metal
PT chelation agent alleviating iron overload -

XX
PS Disclosure; Fig 6; 108pp; English.
XX
CC The present invention relates to hereditary hemochromatosis gene
CC products. These proteins may be used to treat a patient diagnosed as
CC having human hemochromatosis disease. It is also useful as a metal
CC chelation agent or as a T-cell differentiation factor, and for
CC alleviating iron overload. They may also be used in protein replacement
CC therapy for individuals having a defective human hemochromatosis gene.
XX
SQ Sequence 517 BP; 126 A; 120 C; 147 G; 124 T; 0 other;

Query Match 4.8%; Score 516; DB 22; Length 517;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 1.5e-81;
Matches 516; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   5507 TATTTCCTTCCTCCAACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAA 5566
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 tatttccttcctccaacctatagaaggaagtgaaagttccagtcttcctggcaagggtaa 60

Qy   5567 ACAGATCCCCTCTCCTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGA 5626
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 acagatcccctctcctcatccttcctctttcctgtcaagtgcctcctttggtgaaggtga 120

Qy   5627 CACATCATGTGACCTCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCC 5686
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 cacatcatgtgacctcttcagtgaccactctacggtgtcgggccttgaactactaccccc 180

Qy   5687 AGAACATCACCATGAAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAAC 5746
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 agaacatcaccatgaagtggctgaaggataagcagccaatggatgccaaggagttcgaac 240

Qy   5747 CTAAAGACGTATTGCCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTAC 5806
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 ctaaagacgtattgcccaatggggatgggacctaccagggctggataaccttggctgtac 300

Qy   5807 CCCCTGGGGAAGAGCAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCC 5866
          |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ccctggggaagagcagagatatacgtgccaggtggagcacccaggcctggatcagcccc 360

Qy   5867 TCATTGTGATCTGGGGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGG 5926
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 tcattgtgatctggggtatgtgactgatgagagccaggagctgagaaaatctattggggg 420

Qy   5927 TTGAGAGGAGTGCCTGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAG 5986
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 ttgagaggagtgcctgaggaggtaattatggcagtgagatgaggatctgctctttgttag 480

Qy   5987 GGGGTGGGCTGAGGGTGGCAATCAAAGGCTTTAACTT 6023
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 ggggtgggctgagggtggcaatcaaaggctttaactt 517
```

Search completed: June 19, 2002, 17:56:01
Job time: 12448 sec

oligo(dT) primer. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. This library is the normalized version of NCI_CGAP_Br1.1. Library was constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo. "
BASE COUNT 132 a 107 c 107 g 107 t
ORIGIN

Query Match 3.7%; Score 404.6; DB 9; Length 453;
Best Local Similarity 98.8%; Pred. No. 3.1e-47;
Matches 418; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 1; Gaps 1;

```
Qy   8670 ATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTG-AAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTC 8728
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Db    453 ATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTC 394

Qy   8729 CCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTA 8788
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    393 CCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTA 334

Qy   8789 ATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAG 8848
          |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    333 ATTGGTGGGGACAGCTAGTAGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAG 274

Qy   8849 TGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCA 8908
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    273 TGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCA 214

Qy   8909 TTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATG 8968
          |||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    213 TTTTGAGATGGTATAATGGAACGCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATG 154

Qy   8969 GAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTG 9028
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    153 GAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTG 94

Qy   9029 CTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACT 9088
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     93 CTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACT 34

Qy   9089 CTA 9091
          | |
Db     33 CCA 31
```

RESULT 15
AI160732/c
LOCUS AI160732 457 bp mRNA linear EST 26-OCT-1998
DEFINITION qb49b10.x1 NCI_CGAP_Brn23 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1703419 3' similar to contains Alu repetitive element;contains element MSR1 repetitive element ;, mRNA sequence.
ACCESSION AI160732
VERSION AI160732.1 GI:3694112
KEYWORDS EST.
SOURCE human.
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE 1 (bases 1 to 457)
AUTHORS NCI/NINDS-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
TITLE National Cancer Institute / National Institute of Neurological Disorders and Stroke, Brain Tumor Genome Anatomy Project (CGAP/BTGAP), Tumor Gene Index
JOURNAL Unpublished (1998)
COMMENT Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
Tissue Procurement: David N. Louis, M.D., Myrna R. Rosenfeld M.D., Ph.D.
cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D., M. Fatima Bonaldo, Ph.D.
cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
Insert Length: 876 Std Error: 0.00
Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
High quality sequence stop: 399.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .457
/organism="Homo sapiens"
/db_xref="taxon:9606"
/clone="IMAGE:1703419"
/clone_lib="NCI_CGAP_Brn23"
/tissue_type="glioblastoma (pooled)"
/lab_host="DH10B"
/note="Organ: brain; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA was primed with a Not I - oligo(dT) primer [5' TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCATATCTTTTTTTTTTTTTTTTTTT T 3']; double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library is normalized, and was constructed by Bento Soares and M.Fatima Bonaldo."
BASE COUNT 104 a 144 c 100 g 109 t
ORIGIN

Query Match 3.6%; Score 393.8; DB 9; Length 457;
Best Local Similarity 91.8%; Pred. No. 1e-45;
Matches 416; Conservative 0; Mismatches 37; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   7984 ATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACAT 8043
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    457 ATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTACAT 398

Qy   8044 GCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTC 8103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    397 GCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCATTTC 338

Qy   8104 TTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCCAGC 8163
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||| ||
Db    337 TTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCGCGCCTGTGGTCCCGGC 278

Qy   8164 ACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGCTAA 8223
          ||||||||  ||||   ||||||||||| |||||||||||||||| | || ||||||||||
Db    277 ACTTTGGGGGGCCGGGGCGGGTGGATCGCGAGGTCAGGAGATCGGGGCCGTCCTGGCTAA 218

Qy   8224 CATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAGACG 8283
          ||||||||||||||  |||||  ||||  |||| ||| ||| ||||||||||||||| | ||
Db    217 CATGGTGAAACCCCGTCTCTGATAAGGATACGAAAGATTGGCTGGGCGTGGTGGCGGGCG 158

Qy   8284 CCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGGCAG 8343
          |||||  |||||  |||||||||  ||||||  |||||||||  ||||  ||  ||||  ||  ||| |
Db    157 CCTGTGGTCCCGGCTACTCGGGAGGCTGGGGCAGGAGAGTGGCGTGGACCCGGGGGGCGG 98

Qy   8344 AGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGACTC 8403
          ||||||||||| ||  |||||||||||  ||||||||||||||  ||||||  ||||||||||
Db     97 AGCTTGCAGTGGGCTGAGTTTGCGCCGCTGCACTCCAGCCTGGGTGACGGAGTGAGACTC 38

Qy   8404 CATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAA 8436
          |||||||||||||||||||||||  ||||||||||
Db     37 CATCTCAAAAAAATAAAAATAATAATAAAAAAA 5
```

Search completed: June 19, 2002, 16:35:28
Job time: 11070 sec

```
Qy   8847 AGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCT 8906
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    345 AGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCT 286

Qy   8907 CATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCA 8966
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    285 CATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCA 226

Qy   8967 TGGAG-CCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAA 9025
          ||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    225 TGGAGCCCATTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAA 166

Qy   9026 TTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTC-TTTTTTTTTTTTTGA 9084
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Db    165 TTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGA 106

Qy   9085 GACTCTATTGCCCAGGCTG 9103
          ||||||||||||||||| |
Db    105 GACTCTATTGCCCAGGCAG 87
```

```
RESULT  13
AQ111002/c
LOCUS       AQ111002                443 bp    DNA     linear   GSS 29-AUG-1998
DEFINITION  CIT-HSP-2370L14.TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2370L14, DNA
            sequence.
ACCESSION   AQ111002
VERSION     AQ111002.1  GI:3487692
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 443)
  AUTHORS   Adams,M.D., Rounsley,S.D., Zhao,S., Bass,S., Linher,K., Golden,K.,
            Berry,K., Granger,D., Suh,E., Wible,C., Shizuya,H., Simon,M. and
            Venter,J.C.
  TITLE     Use of a random human BAC End Sequence Database for Sequence-Ready
            Map Building
  JOURNAL   Unpublished (1998)
COMMENT     Other_GSSs: CIT-HSP-2370L14.TF
            Contact: Mark Adams
            Department of Eukaryotic Genomics
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Dr., Rockville, MD 20850, USA
            Tel: 301 838 0200
            Fax: 301 838 0208
            Email: mdadams@tigr.org
            Clones are available from Research Genetics (info@resgen.com). BAC
            end search page:
            http://www.tigr.org/tdb/humgen/bac_end_search/bac_end_search.html.
            Seq primer: M13 Reverse
            Class: BAC ends.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .443
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="2370L14"
                     /clone_lib="CIT-HSP"
                     /sex="Male"
                     /cell_type="Sperm"
                     /note="Vector: pBeloBAC11; Site_1: HindIII; Site_2:
                     HindIII"
BASE COUNT      120 a    127 c     82 g    114 t
ORIGIN
```

```
  Query Match             3.8%;  Score 408.4;  DB 12;  Length 443;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 9.3e-48;
  Matches  420;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy   2752 TGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTG 2811
          || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    443 TGAAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTG 384

Qy   2812 TACTTCAGCCTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAG 2871
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    383 TACTTCAGCCTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAG 324

Qy   2872 AGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGG 2931
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    323 AGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGG 264

Qy   2932 CAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGAT 2991
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    263 CAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGAT 204

Qy   2992 CTGCATTTGGGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACA 3051
          |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    203 CTGCATTT-GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACA 145

Qy   3052 TAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAAT 3111
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    144 TAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAAT 85

Qy   3112 CCCAGCACTTTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCT 3171
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     84 CCCAGCACTTTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCT 25

Qy   3172 TG 3173
          ||
Db     24 TG 23
```

```
RESULT  14
AA569989/c
LOCUS       AA569989                453 bp    mRNA    linear   EST 09-SEP-1997
DEFINITION  nm47g11.s1 NCI_CGAP_Br2 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1071428 3',
            mRNA sequence.
ACCESSION   AA569989
VERSION     AA569989.1  GI:2343969
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 453)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Christopher Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
            cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D.
            cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
            DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
            Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Insert Length: 850   Std Error: 0.00
            Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
            High quality sequence stop: 428.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .453
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:1071428"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Br2"
                     /sex="female, pooled"
                     /tissue_type="breast"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; 1st strand cDNA was prepared from pooled bulk
                     breast tumor tissue, and was then primed with a Not I -
```

```
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 533)
  AUTHORS   Mahairas,G.G., Wallace,J.C., Smith,K., Swartzell,S., Holzman,T.,
            Keller,A., Shaker,R., Furlong,J., Young,J., Zhao,S., Adams,M.D. and
            Hood,L.
  TITLE     Sequence-tagged connectors: A sequence approach to mapping and
            scanning the human genome
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 96 (17), 9739-9744 (1999)
  MEDLINE   99380589
COMMENT     Contact: Mahairas GG, Wallace JC, Hood L
            High Throughput Sequencing Center
            University of Washington
            401 Queen Anne Avenue North, Seattle, WA 98109, USA
            Tel: (206) 616-3618
            Fax: (206) 616-3887
            Email: jwallace@u.washington.edu
            Clones may be purchased from Research Genetics (info@resgen.com).
            BAC end Web Server: http://www.htsc.washington.edu
            Plate: 2239  row: H  column: 7
            Seq primer: M13 Reverse
            Class: BAC ends
            High quality sequence stop: 533.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .533
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="Plate=2239 Col=7 Row=H"
                     /clone_lib="CIT Approved Human Genomic Sperm Library D"
                     /sex="male"
                     /note="Organ: sperm; Vector: pBeloBAC11; BAC Clones in
                     E-Coli DH10B"
BASE COUNT      138 a    152 c     95 g    145 t      3 others
ORIGIN


  Query Match             3.8%;  Score 412.6;  DB 12;  Length 533;
  Best Local Similarity   91.6%;  Pred. No. 2.2e-48;
  Matches  447;  Conservative    0;  Mismatches   40;  Indels    1;  Gaps    1;

Qy   2685 AAAAATACAAAAATTAGCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAG 2744
           ||||  | ||| ||  |  | ||||| |||||||||| ||||||||||   |||| ||
Db    533 AAAATCATAAATATAGGTGGTGTGTGTTGGCATGCACTTGTGATCCTAGCACTTCGGAAG 474

Qy   2745 GCTGAGGTGGAGGGTATTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGT 2804
                | |||||||||||||||||||| || ||||||||     ||||||| ||||||||
Db    473 CTGAGGTTGGAGGGTATTGCTTGAGCCAAGAAAGTTGAGCTGCAAGTGAGCAATGACTGT 414

Qy   2805 GCCACTGTACTTCAGCCTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAA 2864
           ||||||||| |  |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Db    413 GCCACTGTATTCAAGCCTAGGTGACAGAGCNAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAA 354

Qy   2865 AGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGG 2924
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Db    353 AGAGAAGAGTTAAAGTTGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTAATTGGCCTGAGCAGTGGGG 294

Qy   2925 TAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAAT 2984
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    293 TAATTGGCAATGCCATTTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAAT 234

Qy   2985 CAAGGATCTGCATTTGGGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGA 3044
           ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    233 CAAGGATCTGCATTT-GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGA 175

Qy   3045 GGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTT 3104
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    174 GGCCACATAGGCAGTTCAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTT 115

Qy   3105 CTGTAATCCCAGCACTTTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAG 3164
           ||||||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Db    114 CTGTAATCCCAGCACTAAGGGAGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTGTGAG 55

Qy   3165 ACAAGCTT 3172
          ||| ||||
Db     54 ACATGCTT 47


RESULT  12
AW299376/c
LOCUS       AW299376                525 bp    mRNA    linear   EST 18-JAN-2000
DEFINITION  xs39b06.x1 NCI_CGAP_Kid11 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2771987 3'
            similar to contains element MER37 repetitive element ;, mRNA
            sequence.
ACCESSION   AW299376
VERSION     AW299376.1  GI:6709053
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 525)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Christopher Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 464.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .525
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2771987"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Kid11"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Organ: kidney; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with
                     a modified polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI;
                     Plasmid DNA from the normalized library NCI_CGAP_Kid3 was
                     prepared, and ss circles were made in vitro. Following HAP
                     purification, this DNA was used as tracer in a subtractive
                     hybridization reaction. The driver was PCR-amplified cDNAs
                     from a pool of 5,000 clones made from the same library
                     (cloneIDs 1322376-1323911, 1456007-1456775, and
                     1500552-1502855). Subtraction by Bento Soares and M.
                     Fatima Bonaldo. "
BASE COUNT      153 a    123 c    125 g    124 t
ORIGIN


  Query Match             3.8%;  Score 411.8;  DB 9;  Length 525;
  Best Local Similarity   99.1%;  Pred. No. 2.9e-48;
  Matches  435;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    2;  Gaps    2;

Qy   8667 CTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGAC 8726
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    525 CTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGAC 466

Qy   8727 TCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTG 8786
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    465 TCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTG 406

Qy   8787 TAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCC 8846
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    405 TAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCC 346
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    404 CCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTAC 345

Qy   9409 TACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTC 9468
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    344 TACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTC 285

Qy   9469 AGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATC 9528
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    284 AGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATC 225

Qy   9529 TCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAG 9588
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    224 TCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAG 165

Qy   9589 TAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTAT 9648
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    164 TAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTAT 105

Qy   9649 TTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGC 9708
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db    104 TTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTT-C 46

Qy   9709 ATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATA 9752
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db     45 ATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTAAA 2
```

```
RESULT  10
AW449998/c
LOCUS       AW449998                442 bp    mRNA    linear   EST 17-FEB-2000
DEFINITION  UI-H-BI3-akv-c-07-0-UI.s1 NCI_CGAP_Sub5 Homo sapiens cDNA clone
            IMAGE:2735605 3', mRNA sequence.
ACCESSION   AW449998
VERSION     AW449998.1  GI:6990774
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 442)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            The sequence contained an oligo-dT track that was present in the
            oligonucleotide that was used to prime the synthesis of first
            strand cDNA and therefore this may represent a bonafide poly A
            tail. cDNA Library Preparation: M.B. Soares Lab Clone distribution:
            NCI-CGAP clone distribution information can be found through the
            I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: M13 Forward
            POLYA=Yes.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .442
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2735605"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Sub5"
                     /lab_host="DH10B (Life Technologies)"
                     /note="Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified
                     polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; NCI_CGAP_Sub5
                     is a subtracted library derived from NCI_CGAP_Sub4. The
                     NCI_CGAP_Sub5 library had 3 million recombinants. A
                     single-stranded DNA preparation of NCI_CGAP_Sub4 was used
                     as a tracer in a subtractive  hybridization with a driver
                     comprising: the IMAGE pool (NCI_CGAP_Kid3 pool 1 LLAM
                     3334-3337, 3682-3683, 3798-3803 (IMAGE CloneIDs
                     1322376-1323911, 1456008-1456775,1500552-1502855);
                     NCI_CGAP_Kid5 pool 1 LLAM 3338-3342,3722-3725, 3776-3778
                     (IMAGE CloneIDs 1323912-1325831, 1471368-1472903,
                     1492104-1493255); NCI_CGAP_Lu5 pool 1 LLAM 3575-3582,
                     3851-3854 (IMAGE  CloneIDs 1414920-1417991,1520904-1522439
                     ); NCI_CGAP_GC4 pool 1 LLAM 3164-3167, 3716-3720,
                     3733-3735 (IMAGE CloneIDs 1257096-1258631,1469064-1470983,
                     1475592-1476743); NCI_CGAP_Pr22  pool 1 LLAM 2457-2459,
                     2758-2759, 3062-3068 (IMAGE CloneIDs 985608-986759
                     ,1101192-1101959,  1217928-1220615); NCI_CGAP_Co10 pool 1
                     LLAM 2644-2653, 2871-2872 (IMAGE CloneIDs  1057416-1061255
                     ,1144584-1145351). (10% of the driver population), plus a
                     pool of 3,840  arrayed clones from  NCI_CGAP_Sub1 (IMAGE
                     CloneIDs 2708616-2710535) and  NCI_CGAP_Sub2 (IMAGE
                     CloneIDs 2710536-2712455)   (10% of the driver population
                     ), plus a pool of 11,136 clones from NCI_CGAP_Sub3 (IMAGE
                     CloneIDs 2712456-2723591) (10% of the driver population),
                     plus a pool of 5,472 clones from NCI_CGAP_Sub4 (IMAGE
                     CloneIDs 2723592-2728969) (70% of the driver population).
                     Subtraction was performed as previously described [Bonaldo
                     , Lennon & Soares (1996): Normalization and Subtraction:
                     Two Approaches To Facilitate Gene Discovery. Genome
                     Research 6, 791-806.
                     TAG_LIB=NCI_CGAP_Co10
                     TAG_TISSUE=colon
                     TAG_SEQ=AAACG"
BASE COUNT       93 a    125 c    134 g     90 t
ORIGIN
```

```
  Query Match             3.9%;  Score 420.8;  DB 9;  Length 442;
  Best Local Similarity   99.5%;  Pred. No. 1.7e-49;
  Matches  422;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    325 GAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAAATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCG 384
          | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    440 GGGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAAATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCG 381

Qy    385 CTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTGCAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCC 444
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    380 CTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTGCAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCC 321

Qy    445 GAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTGGAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCT 504
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    320 GAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTGGAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCT 261

Qy    505 TTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGCTCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCT 564
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Db    260 TTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGCTCAACCCAATCCGCAAGCCCCTCT 201

Qy    565 CCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGCCTACCACTGAACTGCAGATAGGGG 624
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    200 CCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGCCTACCACTGAACTGCAGATAGGGG 141

Qy    625 TCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGTCCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTG 684
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    140 TCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGTCCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTG 81

Qy    685 GAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTTTAAATAAATCTCGTAGTTCCTCAC 744
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     80 GAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTTTAAATAAATCTCGTAGTTCCTCAC 21

Qy    745 TTGA 748
          ||||
Db     20 TTGA 17
```

```
RESULT  11
AQ790990/c
LOCUS       AQ790990                533 bp    DNA     linear   GSS 03-AUG-1999
DEFINITION  HS_2239_B1_D04_MR CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo
            sapiens genomic clone Plate=2239 Col=7 Row=H, DNA sequence.
ACCESSION   AQ790990
VERSION     AQ790990.1  GI:5698614
KEYWORDS    GSS.
```

```
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 520)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Christopher Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 406.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .520
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2470305"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Kid12"
                     /tissue_type="2 pooled tumors (clear cell type)"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Organ: kidney; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with
                     a modified polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI;
                     Plasmid DNA from the normalized library NCI_CGAP_Kid5 was
                     prepared, and ss circles were made in vitro. Following HAP
                     purification, this DNA was used as tracer in a subtractive
                     hybridization reaction. The driver was PCR-amplified cDNAs
                     from a pool of 5,000 clones made from the same library
                     (cloneIDs 1323912-1325831, 1471368-1472903 and
                     1492104-1493255). Subtraction by Bento Soares and M.
                     Fatima Bonaldo.  "
BASE COUNT      171 a     84 c     82 g    183 t
ORIGIN
```

Query Match 3.9%; Score 423.4; DB 9; Length 520;
Best Local Similarity 97.5%; Pred. No. 6.9e-50;
Matches 430; Conservative 0; Mismatches 11; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   9312 CCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAAT 9371
          ||||  |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    463 CCCAGGGTGCTGAGATTGCAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAAT 404

Qy   9372 ATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAAT 9431
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Db    403 ATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCCGCATAAAT 344

Qy   9432 GTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAA 9491
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    343 GTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAA 284

Qy   9492 GTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTT 9551
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    283 GTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTT 224

Qy   9552 TCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGT 9611
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    223 TCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGT 164

Qy   9612 AGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTAT 9671
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    163 AGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTAT 104

Qy   9672 TAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAAT 9731
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Db    103 TAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAACAATGCATATACTTTAAT 44
```

```
Qy   9732 AAATGTATATTGTATTGTATA 9752
          ||||||| |    |||||| |
Db     43 AAATGTACAAAAAATTGTAAA 23


RESULT   9
N93736/c
LOCUS       N93736                   520 bp    mRNA    linear   EST 20-AUG-1996
DEFINITION  zb51g06.s1 Soares_fetal_lung_NbHL19W Homo sapiens cDNA clone
            IMAGE:307162 3' similar to gb:M55053 CYTOCHROME P450 IA2 (HUMAN);,
            mRNA sequence.
ACCESSION   N93736
VERSION     N93736.1  GI:1266045
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 520)
  AUTHORS   Hillier,L., Lennon,G., Becker,M., Bonaldo,M.F., Chiapelli,B.,
            Chissoe,S., Dietrich,N., DuBuque,T., Favello,A., Gish,W., Hawkins
            ,M., Hultman,M., Kucaba,T., Lacy,M., Le,M., Le,N., Mardis,E., Moore
            ,B., Morris,M., Parsons,J., Prange,C., Rifkin,L., Rohlfing,T.,
            Schellenberg,K., Soares,M.B., Tan,F., Thierry-Meg,J., Trevaskis,E.,
            Underwood,K., Wohldmann,P., Waterston,R., Wilson,R. and Marra,M.
  TITLE     Generation and analysis of 280,000 human expressed sequence tags
  JOURNAL   Genome Res. 6 (9), 807-828 (1996)
  MEDLINE   97044478
COMMENT     Contact: Wilson RK
            Washington University School of Medicine
            4444 Forest Park Parkway, Box 8501, St. Louis, MO 63108
            Tel: 314 286 1800
            Fax: 314 286 1810
            Email: est@watson.wustl.edu
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 1642  Std Error: 0.00
            Seq primer: mob.REGA+ET
            High quality sequence stop: 328.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .520
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="GDB:1250574"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:307162"
                     /clone_lib="Soares_fetal_lung_NbHL19W"
                     /dev_stage="19 weeks"
                     /lab_host="DH10B (ampicillin resistant)"
                     /note="Organ: lung; Vector: pT7T3D (Pharmacia) with a
                     modified polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI; 1st
                     strand cDNA was primed with a Not I - oligo(dT) primer
                     [5'-TGTTACCAATCTGAAGTGGGAGCGGCCGCAATTTTTTTTTTTTTTTT-3'],
                     double-stranded cDNA was size selected, ligated to Eco RI
                     adapters (Pharmacia), digested with Not I and cloned into
                     the Not I and Eco RI sites of a modified pT7T3 vector
                     (Pharmacia). Library went through one round of
                     normalization to a Cot = 5. Library constructed by Bento
                     Soares and M.Fatima Bonaldo. This library was constructed
                     from the same fetus as the fetal heart library, Soares
                     fetal heart NbHH19W."
BASE COUNT      175 a     94 c     88 g    161 t      2 others
ORIGIN
```

Query Match 3.9%; Score 421.6; DB 10; Length 520;
Best Local Similarity 98.5%; Pred. No. 1.2e-49;
Matches 457; Conservative 0; Mismatches 4; Indels 3; Gaps 3;

```
Qy   9291 GTGATCCGCCTGCCTCGG-CCTCCCAAAGTGCTGAGATTA-CAGGTGTGAGCCACCCTGC 9348
          |||   |||||||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Db    464 GTGGCACGCCTGCCTCGGNCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACCAGGTGTGAGCCACCCTGC 405

Qy   9349 CCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTAC 9408
```

prepared, and ss circles were made in vitro. Following HAP purification, this DNA was used as tracer in a subtractive hybridization reaction. The driver was PCR-amplified cDNAs from a pool of 5,000 clones made from the same library (cloneIDs 1323912-1325831, 1471368-1472903 and 1492104-1493255). Subtraction by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo. "

BASE COUNT 153 a 77 c 68 g 141 t 1 others
ORIGIN

Query Match 4.0%; Score 429.4; DB 9; Length 440;
Best Local Similarity 98.4%; Pred. No. 1.1e-50;
Matches 433; Conservative 0; Mismatches 7; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   9313 CCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATA 9372
          |||  |||||||||||| |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Db    440 CCAGGGTGCTGAGATTGCAGGTGTGAGCCACCNTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATA 381

Qy   9373 TATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATG 9432
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db    380 TATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCCGCATAAATG 321

Qy   9433 TGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAG 9492
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    320 TGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAG 261

Qy   9493 TTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTT 9552
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    260 TTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTT 201

Qy   9553 CTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTA 9612
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    200 CTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTA 141

Qy   9613 GAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATT 9672
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    140 GAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATT 81

Qy   9673 AACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATA 9732
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     80 AACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATA 21

Qy   9733 AATGTATATTGTATTGTATA 9752
          |||||| |||||||||||| |
Db     20 AATGTACATTGTATTGTAAA 1
```

RESULT 7
AA876054/c
LOCUS AA876054 439 bp mRNA linear EST 31-MAR-1998
DEFINITION nr14d03.s1 NCI_CGAP_Co10 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1161797 3' similar to contains element MER36 repetitive element ;, mRNA sequence.
ACCESSION AA876054
VERSION AA876054.1 GI:2984817
KEYWORDS EST.
SOURCE human.
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE 1 (bases 1 to 439)
AUTHORS NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
TITLE National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP), Tumor Gene Index
JOURNAL Unpublished (1997)
COMMENT Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
Tissue Procurement: Ilan Kirsch, M.D., Michael R. Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D.
cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at: www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
Insert Length: 865 Std Error: 0.00
Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
High quality sequence stop: 421.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .439
/organism="Homo sapiens"
/db_xref="taxon:9606"
/clone="IMAGE:1161797"
/clone_lib="NCI_CGAP_Co10"
/tissue_type="colon tumor RER+"
/lab_host="DH10B"
/note="Organ: colon; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with a modified polylinker; 1st strand cDNA was prepared from RER+ colon tumor, and was then primed with a Not I - oligo(dT) primer. Double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library is normalized. Library was constructed by Bento Soares and M. Fatima Bonaldo (N-Soares4). "
BASE COUNT 154 a 77 c 66 g 142 t
ORIGIN

Query Match 3.9%; Score 427; DB 9; Length 439;
Best Local Similarity 98.9%; Pred. No. 2.3e-50;
Matches 430; Conservative 0; Mismatches 5; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy   9318 GTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATAT 9377
          |||||| |||| |||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    439 GTGCTGGGATTGCAGGTGTGGGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATAT 380

Qy   9378 ATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTA 9437
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    379 ATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGTA 320

Qy   9438 CAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCT 9497
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    319 CAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTCT 260

Qy   9498 TCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTT 9557
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    259 TCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTTT 200

Qy   9558 TTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAA 9617
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    199 TTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAAA 140

Qy   9618 GCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAA 9677
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    139 GCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACAA 80

Qy   9678 CTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGT 9737
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     79 CTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATGT 20

Qy   9738 ATATTGTATTGTATA 9752
          | |||||||||||| |
Db     19 ACATTGTATTGTAAA 5
```

RESULT 8
AI949947/c
LOCUS AI949947 520 bp mRNA linear EST 06-SEP-1999
DEFINITION wq04f05.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2470305 3', mRNA sequence.
ACCESSION AI949947
VERSION AI949947.1 GI:5742257
KEYWORDS EST.
SOURCE human.
ORGANISM Homo sapiens

```
Qy   4588 GGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCA 4647
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    282 GGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTCTCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCA 341

Qy   4648 ATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAA 4707
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    342 ATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTATGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAA 401

Qy   4708 TTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTA 4767
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||
Db    402 TTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAAGTGTCTATGGCCCTNGCTTTTTATATA 461

Qy   4768 ACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAAAAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCAC 4827
          |||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||||||
Db    462 ACCAATAATCTTNTGTATATTTATACCTGTTAAAAATTCAAAAATGTCAACGCCGGGCAC 521

Qy   4828 GGTGGCTCA 4836
          |||||||||
Db    522 GGTGGCTCA 530
```

```
RESULT   5
AI127651/c
LOCUS       AI127651                438 bp    mRNA    linear   EST 27-OCT-1998
DEFINITION  qc30h07.x1 Soares_pregnant_uterus_NbHPU Homo sapiens cDNA clone
            IMAGE:1711165 3' similar to contains element MER36 repetitive
            element ;, mRNA sequence.
ACCESSION   AI127651
VERSION     AI127651.1  GI:3596165
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 438)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            This clone is available royalty-free through LLNL ; contact the
            IMAGE Consortium (info@image.llnl.gov) for further information.
            Insert Length: 669   Std Error: 0.00
            Seq primer: -40m13 fwd. ET from Amersham
            High quality sequence stop: 415.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .438
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:1711165"
                     /clone_lib="Soares_pregnant_uterus_NbHPU"
                     /sex="female"
                     /dev_stage="adult"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Organ: uterus; Vector: pT7T3-Pac; Site_1: Not I;
                     Site_2: Eco RI; 1st strand cDNA was primed with a Not I -
                     oligo(dT) primer [5'
                     AACTGGAAGAATTCGCGGCCGCCTTTTTTTTTTTTTTTTT 3'],
                     double-stranded cDNA was ligated to Eco RI adaptors
                     (Pharmacia), digested with Not I and cloned into the Not I
                     and Eco RI sites of the modified pT7T3 vector. Library
                     went through one round of normalization.  Library
                     constructed by M. Fatima Bonaldo."
BASE COUNT      153 a     73 c     67 g    145 t
ORIGIN
```

```
  Query Match             4.0%;  Score 429.6;  DB 9;  Length 438;
  Best Local Similarity   99.1%;  Pred. No. 1e-50;
  Matches  432;  Conservative    0;  Mismatches    4;  Indels    0;  Gaps    0;
```

```
Qy   9317 AGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATA 9376
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    438 AGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAAAGAGTCTTAATATATA 379

Qy   9377 TATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCTGCATAAATGTGGT 9436
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Db    378 TATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTGGCAGCATAAATGTGGT 319

Qy   9437 ACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTC 9496
          |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    318 ACAACCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATATACAGCTCAGAAGTTTC 259

Qy   9497 TTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTT 9556
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    258 TTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTTTTAAACCATTTTCTTT 199

Qy   9557 TTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAA 9616
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    198 TTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTTACGCTCATTGTAGAAA 139

Qy   9617 AGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACA 9676
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    138 AGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAGTGAAAAACTATTAACA 79

Qy   9677 ACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATG 9736
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     78 ACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCATATACTTTAATAAATG 19

Qy   9737 TATATTGTATTGTATA 9752
          || |||||||||| |
Db     18 TACATTGTATTGTAAA 3
```

```
RESULT   6
AW469921/c
LOCUS       AW469921                440 bp    mRNA    linear   EST 24-FEB-2000
DEFINITION  ha27e08.x1 NCI_CGAP_Kid12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2874950 3'
            similar to contains Alu repetitive element;, mRNA sequence.
ACCESSION   AW469921
VERSION     AW469921.1  GI:7040027
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 440)
  AUTHORS   NCI-CGAP http://www.ncbi.nlm.nih.gov/ncicgap.
  TITLE     National Cancer Institute, Cancer Genome Anatomy Project (CGAP),
            Tumor Gene Index
  JOURNAL   Unpublished (1997)
COMMENT     Contact: Robert Strausberg, Ph.D.
            Email: cgapbs-r@mail.nih.gov
            Tissue Procurement: Christopher Moskaluk, M.D., Ph.D., Michael R.
            Emmert-Buck, M.D., Ph.D.
             cDNA Library Preparation: M. Bento Soares, Ph.D.
             cDNA Library Arrayed by: Greg Lennon, Ph.D.
             DNA Sequencing by: Washington University Genome Sequencing Center
             Clone distribution: NCI-CGAP clone distribution information can be
            found through the I.M.A.G.E. Consortium/LLNL at:
            www-bio.llnl.gov/bbrp/image/image.html
            Seq primer: -40UP from Gibco
            High quality sequence stop: 439.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .440
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="IMAGE:2874950"
                     /clone_lib="NCI_CGAP_Kid12"
                     /tissue_type="2 pooled tumors (clear cell type)"
                     /lab_host="DH10B"
                     /note="Organ: kidney; Vector: pT7T3D-Pac (Pharmacia) with
                     a modified polylinker; Site_1: Not I; Site_2: Eco RI;
                     Plasmid DNA from the normalized library NCI_CGAP_Kid5 was
```

```
DEFINITION  EST386265 MAGE resequences, MAGM Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
ACCESSION   AW974162
VERSION     AW974162.1  GI:8165353
KEYWORDS    EST.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 545)
  AUTHORS   Hegde,P., Qi,R., Abernathy,K., Dharap,S., Gaspard,R., Gay,C., Holt
            ,I.E., Saeed,A.I., Sharov,V., Lee,N.H., Yeatman,T.J. and
            Quackenbush,J.
  TITLE     Assessment of gene expression patterns in a model of colon tumor
            metastasis using a 19,200 element cDNA microarray
  JOURNAL   Unpublished (2000)
COMMENT     Contact: John Quackenbush
            The Institute for Genomic Research
            9712 Medical Center Dr., Rockville, MD 20850, USA
            Tel: 301 838 3528
            Fax: 301 838 0208
            Email: johnq@tigr.org
            Plate: 330
            Seq primer: Forward.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .545
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone_lib="MAGE resequences, MAGM"
                     /note="Vector: pBluescriptSKm"
BASE COUNT      153 a    137 c    123 g    132 t
ORIGIN
```

```
  Query Match             4.3%;  Score 464.8;  DB 9;  Length 545;
  Best Local Similarity   93.8%;  Pred. No. 1.1e-55;
  Matches  484;  Conservative    0;  Mismatches   32;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    8576 GAGAAGGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAAT 8635
           || | ||  |  | |   | ||||  | ||  |  | |||||||| | || ||||||||||
Db     544 GAAAGGGGGGTGGGTTCTTTTTCTTGTCTCCAAAGGGTTTCTTTTAAGGGAGCTTGAAT 485

Qy    8636 CACATGAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAA 8695
           | || ||| ||| ||| |||||||||||||||||| |||  ||| ||||||||||||||||
Db     484 CCCAAGAAAGGGGACAACAGAAAACAACCAACTGTTCCCAAGCGGTCATGTTTCCTTTAA 425

Qy    8696 AAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGC 8755
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     424 AAGTCCCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGC 365

Qy    8756 ATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGC 8815
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     364 ATTCATTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGC 305

Qy    8816 TGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGT 8875
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     304 TGGGCTTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGT 245

Qy    8876 ATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACC 8935
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     244 ATTTCCCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACC 185

Qy    8936 AAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTA 8995
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     184 AAGTGGCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTA 125

Qy    8996 AAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCAT 9055
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     124 AAAAAAAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCAT 65

Qy    9056 GTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTA 9091
           |||||||||||||||||||||||||||||||| |
Db      64 GTTCAAAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCCA 29
```

```
RESULT   4
AQ703007
LOCUS       AQ703007                 531 bp    DNA     linear   GSS 07-JUL-1999
DEFINITION  HS_5443_B1_G09_T7A RPCI-11 Human Male BAC Library Homo sapiens
            genomic clone Plate=1019 Col=17 Row=N, DNA sequence.
ACCESSION   AQ703007
VERSION     AQ703007.1  GI:5412433
KEYWORDS    GSS.
SOURCE      human.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 531)
  AUTHORS   Mahairas,G.G., Wallace,J.C., Smith,K., Swartzell,S., Holzman,T.,
            Keller,A., Shaker,R., Furlong,J., Young,J., Zhao,S., Adams,M.D. and
            Hood,L.
  TITLE     Sequence-tagged connectors: A sequence approach to mapping and
            scanning the human genome
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 96 (17), 9739-9744 (1999)
  MEDLINE   99380589
COMMENT     Contact: Mahairas GG, Wallace JC, Hood L
            High Throughput Sequencing Center
            University of Washington
            401 Queen Anne Avenue North, Seattle, WA 98109, USA
            Tel: (206) 616-3618
            Fax: (206) 616-3887
            Email: jwallace@u.washington.edu
            Clones are derived from the human BAC library RPCI-11. For BAC
            library availability, please contact Pieter de Jong
            (pieter@dejong.med.buffalo.edu). Clones may be purchased from
            BACPAC Resources (http://bacpac.med.buffalo.edu/ordering_bac.htm)
            or from Resear h Genetics (info@resgen.com). BAC end Web Server:
            http://www.htsc.washington.edu
            Plate: 1019  row: N  column: 17
            Seq primer: T7
            Class: BAC ends
            High quality sequence stop: 531.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .531
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="Plate=1019 Col=17 Row=N"
                     /clone_lib="RPCI-11 Human Male BAC Library"
                     /sex="male"
                     /note="Vector: pBACe3.6; Site_1: EcoRI; Site_2: EcoRI;
                     Male blood DNA was isolated from one randomly chosen donor
                     and partially digested with a combination of EcoRI and
                     EcoRI Methylase. Size selected DNA was cloned into the
                     pBACe3.6 vector at EcoRI sites"
BASE COUNT      129 a    114 c    146 g    137 t      5 others
ORIGIN
```

```
  Query Match             4.3%;  Score 464.2;  DB 12;  Length 531;
  Best Local Similarity   96.5%;  Pred. No. 1.3e-55;
  Matches  472;  Conservative    0;  Mismatches   17;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy    4348 ACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGG 4407
           |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||| || | |
Db      42 ACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCANGGCCTGGCCCACCAAGCTGGAGTGTGATATG 101

Qy    4408 CACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTG 4467
           | |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     102 CTCTTGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTACCTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTG 161

Qy    4468 CAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACAC 4527
           |||||||||||||||||||||||| |   ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     162 CAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAAGGTGTTTGGACCAACAAGGTATGGTGGAAACACAC 221

Qy    4528 TTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTT 4587
           |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     222 TTCTGCCCCTATACTCTANTGGCAGAGTGGAGGAGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTT 281
```

```
  Query Match             5.7%;  Score 612.8;  DB 10;  Length 691;
  Best Local Similarity   98.9%;  Pred. No. 1.9e-76;
  Matches  617;  Conservative    0;  Mismatches    7;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy   1397 TACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAGTGTAGCACAGTGTTCT 1456
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    691 TACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAGTGTAGCACAGTGTTCT 632

Qy   1457 GTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTACTACGTGTATCCACAT 1516
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    631 GTGGGTCACACGCGGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTACTACGTGTATCCACAT 572

Qy   1517 TTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGGCAAATTTATTCAATGG 1576
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    571 TTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGGCAAATTTATTCAATGG 512

Qy   1577 TACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGCTATGATTCTTAAACAT 1636
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    511 TACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGCTATGATTCTTAAACAT 452

Qy   1637 CACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAGAAATATTCATTGTTTA 1696
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    451 CACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAGAAATATTCATTGTTTA 392

Qy   1697 CAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCCCAAGGGAGAGAGCAGG 1756
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    391 CAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCCCAAGGGAGAGAGCAGG 332

Qy   1757 GAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGAGATGACAATAAGCAAA 1816
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    331 GAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGAGATGACAATAAGCAAA 272

Qy   1817 TGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGAGAAGCAGAGAAGTCAG 1876
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    271 TGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGAGAAGCAGAGAAGTCAG 212

Qy   1877 GGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGAAATAAGAATGATATTG 1936
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    211 GGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGAAATAAGAATGATATTG 152

Qy   1937 ACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAGTTGGATTAAAAAGCGG 1996
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    151 ACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAGTTGGATTAAAAAGCGG 92

Qy   1997 GTTTTCTCAGCACTACTCATGTGT 2020
          |||||||||||   || | || ||
Db     91 GTTTTCTCAGCCGGACGCGTGGGT 68


RESULT   2
AG116246/c
LOCUS       AG116246                 648 bp    DNA     linear   GSS 03-NOV-2001
DEFINITION  Pan troglodytes DNA, clone: PTB-123L15.R, genomic survey sequence.
ACCESSION   AG116246
VERSION     AG116246.1  GI:16736765
KEYWORDS    GSS; GSS (genome survey sequence).
SOURCE      Pan troglodytes male lymphoblast DNA, clone_lib:PTB Chimpanzee Male
            BAC Library clone:PTB-123L15.R.
  ORGANISM  Pan troglodytes
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi;
            Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Pan.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   Fujiyama,A., Hattori,M., Toyoda,A., Taylor,T.D., Yada,T.,
            Totoki,Y., Watanabe,H. and Sakaki,Y.
  TITLE     BAC end sequences of Library PTB
  JOURNAL   Unpublished
REFERENCE   2  (bases 1 to 648)
  AUTHORS   Fujiyama,A., Hattori,M., Toyoda,A., Taylor,T.D., Yada,T.,
            Totoki,Y., Watanabe,H. and Sakaki,Y.
  TITLE     Direct Submission
  JOURNAL   Submitted (02-AUG-2001) Asao Fujiyama, The Institute of Physical
            and Chemical Research (RIKEN), Genomic Sciences Center (GSC);
            1-7-22 Suehiro-chou,Tsurumi-ku, Yokohama, Kanagawa 230-0045, Japan
            (E-mail:chimpbes@gsc.riken.go.jp, URL:http://hgp.gsc.riken.go.jp/,
            Tel:81-45-503-9111, Fax:81-45-503-9170)
COMMENT     Clones are derived from the chimpanzee BAC library PTB This BAC end
            was generated during the R&D process and may have higher chance of
            clone tracking errors.
             PRIMERS
                 Sequencing: M13Rev
             LIBRARY
                 Vector    : pKS145
                 R.Site 1  : SacI
                 R.Site 2  : SacI.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .648
                     /organism="Pan troglodytes"
                     /db_xref="taxon:9598"
                     /clone="PTB-123L15.R"
                     /sex="male"
                     /cell_type="lymphoblast"
                     /clone_lib="PTB Chimpanzee Male BAC Library"
BASE COUNT      212 a    148 c    125 g    163 t
ORIGIN


  Query Match             5.4%;  Score 589;  DB 12;  Length 648;
  Best Local Similarity   99.2%;  Pred. No. 4.2e-73;
  Matches  592;  Conservative    0;  Mismatches    5;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy   1006 GGAGGTCTCTAGGGTGGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTT 1065
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     648 GGAGGTCTCTAGGGTGGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTT 589

Qy   1066 GGCAATTGTTCTTTTGCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAA 1125
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     588 GGCAATTGTTCTTTTGCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAA 529

Qy   1126 CAATTCTCTTTTCGGCTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTC 1185
          |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     528 CAATTCTCTTTTCGGCCAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTC 469

Qy   1186 TCTACAAAGTACTGATAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATA 1245
          |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Db     468 TCTACAAAGTACTGATAATGGACATGTAAGCAATGCACTCAGTTCTAAGTTACATTCATA 409

Qy   1246 TCTGATCTTATTTGATTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTT 1305
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     408 TCTGATCTTATTTGATTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTT 349

Qy   1306 TACTAGAAGTTAACTGGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAA 1365
          |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db     348 TACTAGAAGTTAACTGGAATTCAGATTATGTAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAA 289

Qy   1366 TAATCTGGTTTTCTGATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGT 1425
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     288 TAATCTGGTTTTCTGATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGT 229

Qy   1426 GATTTTGCCCTGTAGTGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCA 1485
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     228 GATTTTGCCCTGTAGTGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCA 169

Qy   1486 CTTTGAGTTTTGGTACTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCA 1545
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     168 CTTTGAGTTTTGGTACTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCA 109

Qy   1546 CGGCCTGCTTCCTGGCAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTC 1602
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Db     108 CGGCCTGCTTCCTGGCAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTAGCAGAGCTC 52


RESULT   3
AW974162/c
LOCUS       AW974162                 545 bp    mRNA    linear   EST 02-JUN-2000
```

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: June 19, 2002, 13:30:58 ; Search time 7317.93 Seconds
(without alignments)
19965.282 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-957-1
Perfect score: 10825
Sequence: 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATT.....TCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 13736207 seqs, 6748477542 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 27472414

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : EST:*
1: em_estba:*
2: em_esthum:*
3: em_estin:*
4: em_estmu:*
5: em_estov:*
6: em_estpl:*
7: em_estro:*
8: em_htc:*
9: gb_est1:*
10: gb_est2:*
11: gb_htc:*
12: gb_gss:*
13: em_gss_hum:*
14: em_gss_inv:*
15: em_gss_pln:*
16: em_gss_vrt:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.		Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
c	1	612.8	5.7	691	10	BG926549	BG926549 HNC42-1-G
c	2	589	5.4	648	12	AG116246	AG116246 Pan trogl
c	3	464.8	4.3	545	9	AW974162	AW974162 EST386265
	4	464.2	4.3	531	12	AQ703007	AQ703007 HS_5443_B
c	5	429.6	4.0	438	9	AI127651	AI127651 qc30h07.x
c	6	429.4	4.0	440	9	AW469921	AW469921 ha27e08.x
c	7	427	3.9	439	9	AA876054	AA876054 nr14d03.s
c	8	423.4	3.9	520	9	AI949947	AI949947 wq04f05.x
c	9	421.6	3.9	520	10	N93736	N93736 zb51g06.s1
c	10	420.8	3.9	442	9	AW449998	AW449998 UI-H-BI3-
c	11	412.6	3.8	533	12	AQ790990	AQ790990 HS_2239_B
c	12	411.8	3.8	525	9	AW299376	AW299376 xs39b06.x
c	13	408.4	3.8	443	12	AQ111002	AQ111002 CIT-HSP-2
c	14	404.6	3.7	453	9	AA569989	AA569989 nm47g11.s
c	15	393.8	3.6	457	9	AI160732	AI160732 qb49b10.x
c	16	387.4	3.6	392	9	AI122894	AI122894 ok31a01.s
	17	380.2	3.5	805	10	BG402460	BG402460 602466163
c	18	375.2	3.5	380	9	AI040303	AI040303 oy09c09.x
c	19	369.8	3.4	385	9	AI760080	AI760080 wh62a10.x
c	20	363.8	3.4	454	9	AI358948	AI358948 qy24g03.x
c	21	362	3.3	393	9	AI763178	AI763178 wi65f02.x
c	22	360.2	3.3	448	9	AI369750	AI369750 qy72e06.x
c	23	354	3.3	540	9	AA088873	AA088873 zl90g03.s
c	24	350.6	3.2	441	10	R76697	R76697 yi61f07.s1
c	25	342.2	3.2	388	10	BF445847	BF445847 7p38b08.x
	26	341.2	3.2	368	10	BF739151	BF739151 CM4-KT003
c	27	324.2	3.0	334	9	AW902003	AW902003 QV0-NN102
c	28	317.2	2.9	445	10	H01502	H01502 yj21c03.s1
c	29	316.4	2.9	318	10	BF446089	BF446089 7p32a03.x
c	30	313.4	2.9	326	12	AQ056874	AQ056874 CIT-HSP-2
	31	293	2.7	420	12	AQ296898	AQ296898 HS_3005_B
c	32	285.2	2.6	292	10	BF405650	BF405650 UI-R-CA1-
	33	283	2.6	308	9	AA319758	AA319758 EST22021
	34	280.2	2.6	822	10	BG249643	BG249643 602319736
c	35	278	2.6	612	12	AQ395455	AQ395455 CITBI-E1-
c	36	278	2.6	650	12	AG116352	AG116352 Pan trogl
	37	277.4	2.6	6146	12	AQ839831	AQ839831 260L13-C4
c	38	275.8	2.5	299	10	R07647	R07647 ye98g01.s1
c	39	272.2	2.5	384	9	AI079088	AI079088 oy51g10.s
	40	272.2	2.5	456	12	AQ483293	AQ483293 RPCI-11-2
	41	271.8	2.5	339	9	AA102329	AA102329 zl90g03.r
c	42	271.8	2.5	658	12	AG183592	AG183592 Pan trogl
	43	271	2.5	759	12	AG185133	AG185133 Pan trogl
	44	271	2.5	817	9	AL562711	AL562711 AL562711
	45	270.6	2.5	444	12	B89781	B89781 CIT-HSP-217

ALIGNMENTS

RESULT 1
BG926549/c
LOCUS BG926549 691 bp mRNA linear EST 06-NOV-2001
DEFINITION HNC42-1-G8.R HNC (Human Normal Cartilage) Homo sapiens cDNA, mRNA sequence.
ACCESSION BG926549
VERSION BG926549.1 GI:14321072
KEYWORDS EST.
SOURCE human.
ORGANISM Homo sapiens
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE 1 (bases 1 to 691)
AUTHORS Kumar,S., Connor,J.R., Dodds,R.A., Halsey,W., Van Horn,M., Mao,J., Sathe,G., Mui,P., Agarwal,P., Badger,A.M., Lee,J.C., Gowen,M. and Lark,M.W.
TITLE Identification and initial characterization of 5000 expressed sequenced tags (ESTs) each from adult human normal and osteoarthritic cartilage cDNA libraries
JOURNAL Osteoarthritis Cartilage 9 (7), 641-653 (2001)
MEDLINE 21482651
COMMENT Contact: Sanjay Kumar
UW2109
GlaxoSmithKline
709 Swedeland Road, P.O. Box 1539, King of Prussia, PA 19406, USA
Tel: 610-270-7245
Fax: 610-270-5598
Email: sanjay_kumar-1@gsk.com
Seq primer: T7.
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .691
/organism="Homo sapiens"
/db_xref="taxon:9606"
/clone_lib="HNC (Human Normal Cartilage)"
/tissue_type="cartilage"
/lab_host="E.coli DH10 B"
/note="Vector: pSPORT I; Site_1: SalI; Site_2: NotI; Directional"
BASE COUNT 182 a 179 c 137 g 193 t
ORIGIN

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: June 19, 2002, 13:57:28 ; Search time 174.74 Seconds
(without alignments)
15216.795 Million cell updates/sec

Title: US-09-497-957-1
Perfect score: 10825
Sequence: 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATT.....TCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 383533 seqs, 122816752 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 767066

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database : Issued_Patents_NA:*
1: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5A_COMB.seq:*
2: /cgn2_6/ptodata/2/ina/5B_COMB.seq:*
3: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6A_COMB.seq:*
4: /cgn2_6/ptodata/2/ina/6B_COMB.seq:*
5: /cgn2_6/ptodata/2/ina/PCTUS_COMB.seq:*
6: /cgn2_6/ptodata/2/ina/backfiles1.seq:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	10823	100.0	10825	3	US-08-652-265-1	Sequence 1, Appli
2	10823	100.0	10825	3	US-08-652-265-3	Sequence 3, Appli
3	10823	100.0	10825	3	US-08-652-265-5	Sequence 5, Appli
4	10823	100.0	10825	3	US-08-652-265-7	Sequence 7, Appli
5	10823	100.0	10825	3	US-08-834-497A-1	Sequence 1, Appli
6	10823	100.0	10825	3	US-08-834-497A-3	Sequence 3, Appli
7	10823	100.0	10825	3	US-08-834-497A-5	Sequence 5, Appli
8	10823	100.0	10825	3	US-08-834-497A-7	Sequence 7, Appli
9	10823	100.0	10825	4	US-09-503-444A-1	Sequence 1, Appli
10	10823	100.0	10825	4	US-09-503-444A-3	Sequence 3, Appli
11	10823	100.0	10825	4	US-09-503-444A-5	Sequence 5, Appli
12	10823	100.0	10825	4	US-09-503-444A-7	Sequence 7, Appli
13	10823	100.0	246240	2	US-08-724-394A-20	Sequence 20, Appl
14	10823	100.0	246240	2	US-08-724-394A-21	Sequence 21, Appl
15	10823	100.0	246240	2	US-08-724-394A-22	Sequence 22, Appl
16	10759.8	99.4	12146	4	US-09-277-457-27	Sequence 27, Appl
17	1051.6	9.7	2506	4	US-09-277-457-1	Sequence 1, Appli
18	516	4.8	517	1	US-08-632-673B-3	Sequence 3, Appli
19	516	4.8	517	1	US-08-632-673B-4	Sequence 4, Appli
20	516	4.8	517	1	US-08-632-673B-13	Sequence 13, Appl
21	516	4.8	517	3	US-08-652-265-20	Sequence 20, Appl
22	516	4.8	517	3	US-08-652-265-21	Sequence 21, Appl
23	516	4.8	517	3	US-08-834-497A-20	Sequence 20, Appl
24	516	4.8	517	3	US-08-834-497A-21	Sequence 21, Appl
25	516	4.8	517	4	US-09-503-444A-20	Sequence 20, Appl
26	516	4.8	517	4	US-09-503-444A-21	Sequence 21, Appl
27	359	3.3	360	3	US-08-905-124-5	Sequence 5, Appli
28	355.8	3.3	14796	4	US-08-975-080-35	Sequence 35, Appl
29	355.8	3.3	14796	4	US-09-630-706-10	Sequence 10, Appl
30	355.8	3.3	14796	4	US-09-496-694B-3	Sequence 3, Appli
c 31	329.8	3.0	84495	4	US-09-797-906-3	Sequence 3, Appli
c 32	322.8	3.0	15977	4	US-09-608-285A-59	Sequence 59, Appl
33	320.8	3.0	7210	2	US-08-257-963B-10	Sequence 10, Appl
34	320.8	3.0	7210	4	US-08-367-841A-10	Sequence 10, Appl
35	320.8	3.0	7210	5	PCT-US95-07201-10	Sequence 10, Appl
36	320.8	3.0	22481	4	US-08-367-841A-43	Sequence 43, Appl
37	320.8	3.0	22481	5	PCT-US95-07201-43	Sequence 43, Appl
c 38	320.2	3.0	7210	2	US-08-257-963B-10	Sequence 10, Appl
c 39	320.2	3.0	7210	4	US-08-367-841A-10	Sequence 10, Appl
c 40	320.2	3.0	7210	5	PCT-US95-07201-10	Sequence 10, Appl
c 41	320.2	3.0	22481	4	US-08-367-841A-43	Sequence 43, Appl
c 42	320.2	3.0	22481	5	PCT-US95-07201-43	Sequence 43, Appl
43	320	3.0	1440	3	US-08-652-265-9	Sequence 9, Appli
44	320	3.0	1440	3	US-08-652-265-10	Sequence 10, Appl
45	320	3.0	1440	3	US-08-652-265-11	Sequence 11, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-08-652-265-1
; Sequence 1, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.
; TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
; STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-3834
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
; SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/08/652,265
; FILING DATE: 23-MAY-1996
; CLASSIFICATION: 514
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Smith, William M.
; REGISTRATION NUMBER: 30,223
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 17957-000500
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: (415) 576-0200
; TELEFAX: (415) 576-0300
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 1:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 10825 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
; LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
; OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
; OTHER INFORMATION:

```
;       OTHER INFORMATION:  /note= "No. 6025130mal or wild-type (unaffected)
;       OTHER INFORMATION:  Hereditary Hemochromatosis (HH) gene
;       OTHER INFORMATION:  allele"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  140..7319
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) allele
;       OTHER INFORMATION:  cDNA (SEQ ID NO:9)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  3852..3891
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;       OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d2(C)
;       OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:41)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  5507..6023
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;       OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d1(G)
;       OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:20)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(3872, "c")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(3878, "a")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d7
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(5834, "g")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-652-265-1


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040
Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
```

```
Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
```

```
Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

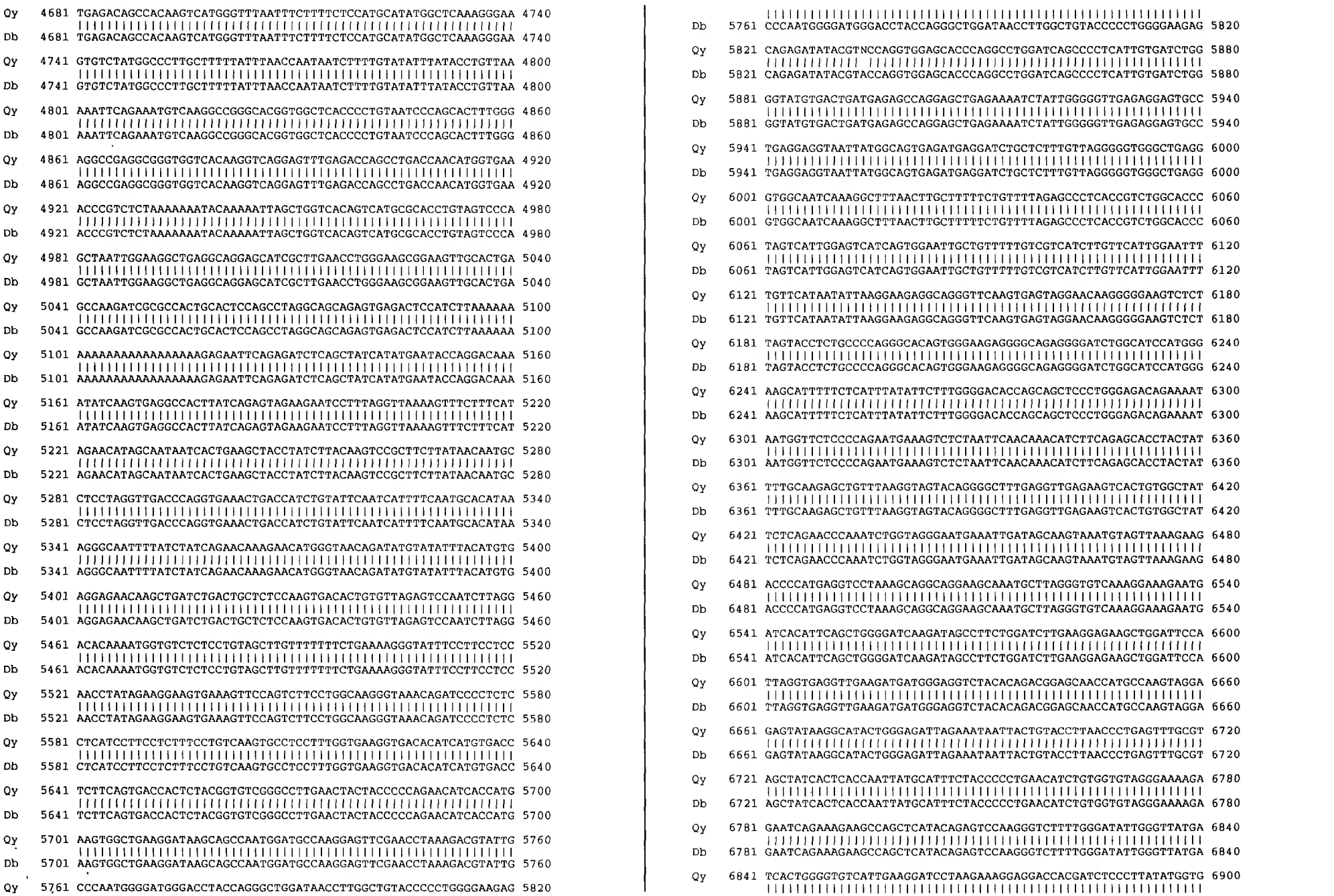
```
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
```


Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Qy 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db 8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Qy 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db 8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Qy 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db 8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Qy 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db 8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Qy 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db 8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Qy 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db 8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Qy 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db 8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Qy 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db 8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Qy 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db 8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Qy 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db 8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Qy 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db 8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Qy 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db 8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Qy 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db 8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Qy 8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db 8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Qy 9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db 9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Qy 9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Db 9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Qy 9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Db 9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Qy 9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
Db 9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
Qy 9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
Db 9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
Qy 9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
Db 9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
Qy 9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Db 9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Qy 9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Db 9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Qy 9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Db 9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Qy 9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Db 9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Qy 9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Db 9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Qy 9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Db 9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Qy 9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Db 9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Qy 9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Db 9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Qy 9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Db 9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Qy 9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
Db 9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
Qy 9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Db 9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Qy 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Db 10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Qy 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Db 10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Qy 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Db 10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Qy 10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

```
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   2
US-08-652-265-3
; Sequence 3, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;    NUMBER OF SEQUENCES:  44
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Smith, William M.
;      REGISTRATION NUMBER:  30,223
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  17957-000500
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  3:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  mutation"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene 24d1 allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-652-265-3


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
```

```
Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
```


Qy 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Db 4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Qy 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Db 4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Qy 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Db 4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Qy 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Db 4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Qy 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Db 4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Db 4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Db 5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Db 5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Db 5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Db 5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Qy 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Db 5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Qy 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Qy 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

```
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
```

```
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
```

```
Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 3
US-08-652-265-5
; Sequence 5, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.
; TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Townsend and Townsend and Crew LLP
; STREET: Two Embarcadero Center, Eighth Floor
; CITY: San Francisco
; STATE: California
; COUNTRY: USA
; ZIP: 94111-3834
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

```
;       SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;     CURRENT APPLICATION DATA:
;       APPLICATION NUMBER:  US/08/652,265
;       FILING DATE:  23-MAY-1996
;       CLASSIFICATION:  514
;     ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;       NAME:  Smith, William M.
;       REGISTRATION NUMBER:  30,223
;       REFERENCE/DOCKET NUMBER:  17957-000500
;     TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;       TELEPHONE:  (415) 576-0200
;       TELEFAX:  (415) 576-0300
;   INFORMATION FOR SEQ ID NO:  5:
;     SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;       LENGTH:  10825 base pairs
;       TYPE:  nucleic acid
;       STRANDEDNESS:  single
;       TOPOLOGY:  linear
;     MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  CDS
;       LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;       LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;       OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;       OTHER INFORMATION:
;       OTHER INFORMATION:  mutation"
;       OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;       OTHER INFORMATION:  gene 24d2 allele"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  140..7319
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  3852..3891
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;       OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  5507..6023
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;       OTHER INFORMATION:  for 24d1(G) allele (SEQ ID NO:20)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(3872, "g")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;       OTHER INFORMATION:
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
US-08-652-265-5


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
```

```
Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
```

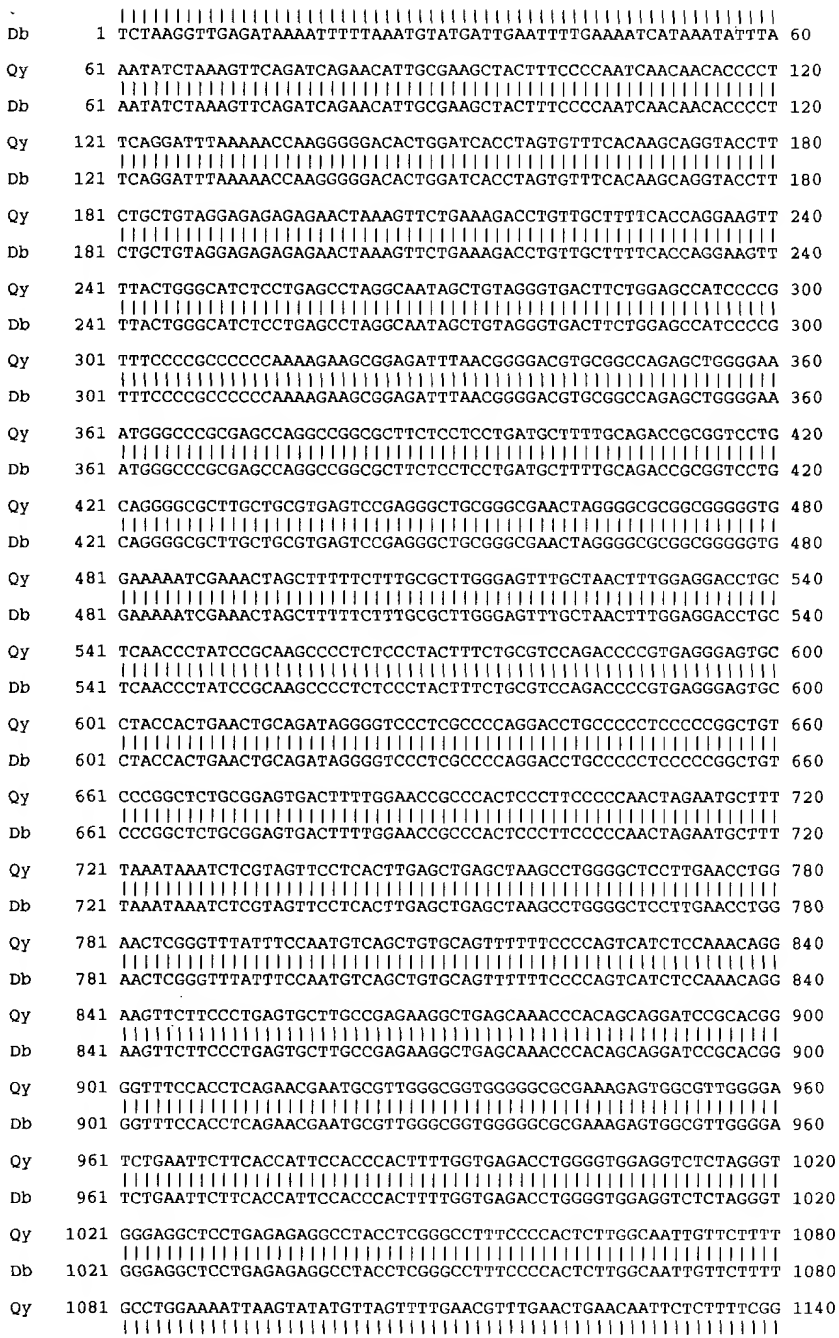
```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
```


Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Qy 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

```
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
```

```
Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   4
US-08-652-265-7
; Sequence 7, Application US/08652265
; Patent No. 6025130
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;    NUMBER OF SEQUENCES:  44
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Townsend and Townsend and Crew LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, Eighth Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  California
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Smith, William M.
;      REGISTRATION NUMBER:  30,223
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  17957-000500
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  (415) 576-0200
;      TELEFAX:  (415) 576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  7:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  and 24d2 mutations"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene containing a combination of both
;      OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  cDNA containing a combination of both
;      OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles
;      OTHER INFORMATION:  (SEQ ID NO:12)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-652-265-7


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
```


Db 1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
Qy 61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Db 61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Qy 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Qy 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Qy 241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db 241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Qy 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Qy 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Qy 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Qy 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Qy 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Qy 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220


Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Qy 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Db 2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
Qy 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Db 2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
Qy 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Db 2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
Qy 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Db 3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
Qy 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Db 3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
Qy 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Db 3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
Qy 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Db 3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
Qy 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Db 3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
Qy 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Db 3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
Qy 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Db 3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
Qy 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Db 3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
Qy 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Db 3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
Qy 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Db 3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
Qy 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Db 3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
Qy 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Db 3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
Qy 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Db 3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
Qy 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Db 3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
Qy 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Db 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
Qy 3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Db 3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
Qy 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Db 3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
Qy 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Db 4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
Qy 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Db 4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
Qy 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Db 4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
Qy 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Db 4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
Qy 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Db 4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
Qy 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Db 4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
Qy 4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

```
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
```

```
Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
```

```
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
```

```
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 5
US-08-834-497A-1
; Sequence 1, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.

```
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  76
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036-2811
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  FastSEQ for Windows Version 2.0b
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/834,497A
;      FILING DATE:  04-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/632,673
;      FILING DATE:  16-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/630,912
;      FILING DATE:  04-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0056-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  650-493-4935
;      TELEFAX:  650-493-5556
;      TELEX:  66141 PENNIE
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /note= "No. 6140305mal or wild-type (unaffected)
;      OTHER INFORMATION:  Hereditary Hemochromatosis (HH) gene
;      OTHER INFORMATION:  allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) allele
;      OTHER INFORMATION:  cDNA (SEQ ID NO:9)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;      OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d2(C)
;      OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:41)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;      OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d1(G)
;      OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:20)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "c")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;      OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3878, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;      OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d7
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;      OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-834-497A-1


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
```


Db 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Qy 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Db 2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
Qy 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Db 2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
Qy 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Db 2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
Qy 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Db 2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
Qy 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Db 2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
Qy 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Db 2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
Qy 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Db 2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
Qy 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Db 2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
Qy 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
Db 2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

```
Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db . 3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
```

```
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
```

```
Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
```

```
Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
```

```
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
```

```
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

```
RESULT   6
US-08-834-497A-3
; Sequence 3, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  76
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036-2811
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  FastSEQ for Windows Version 2.0b
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/834,497A
;      FILING DATE:  04-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/632,673
;      FILING DATE:  16-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/630,912
;      FILING DATE:  04-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0056-999
```

```
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  650-493-4935
;      TELEFAX:  650-493-5556
;      TELEX:  66141 PENNIE
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  3:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  mutation"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene 24d1 allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-834-497A-3


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
```

```
Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
```

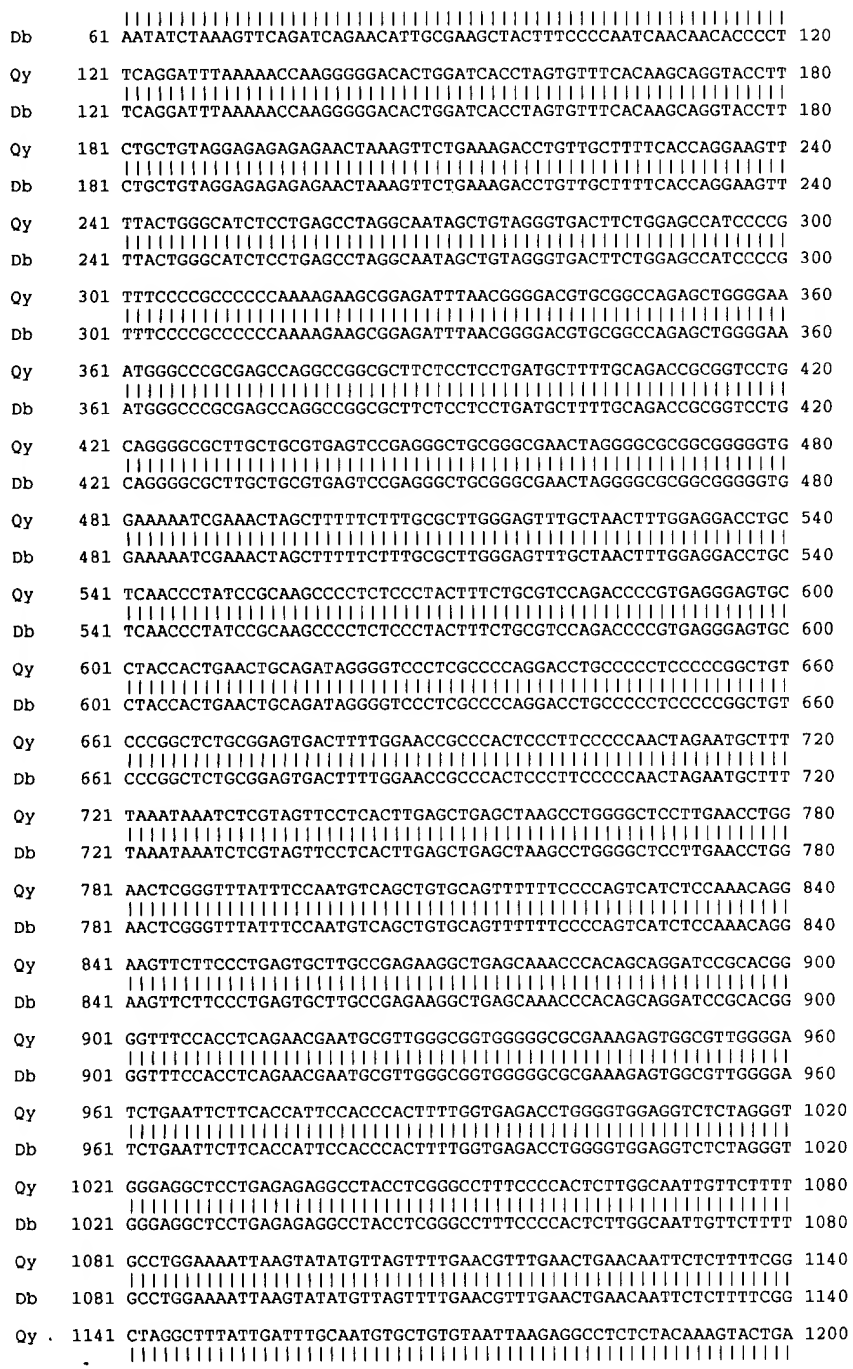
```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
```

```
Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
```

```
Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT   7
US-08-834-497A-5
; Sequence 5, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  76
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036-2811
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  FastSEQ for Windows Version 2.0b
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/834,497A
;      FILING DATE:  04-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/632,673
;      FILING DATE:  16-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/630,912
;      FILING DATE:  04-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0056-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  650-493-4935
;      TELEFAX:  650-493-5556
;      TELEX:  66141 PENNIE
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  5:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  mutation"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene 24d2 allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(G) allele (SEQ ID NO:20)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
US-08-834-497A-5


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
```


Db 61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
Qy 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Db 121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
Qy 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Db 181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
Qy 241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Db 241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
Qy 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Db 301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
Qy 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Db 361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
Qy 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Db 421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
Qy 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Db 481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
Qy 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Db 541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
Qy 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Db 601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
Qy 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Db 661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
Qy 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Db 721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
Qy 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Db 781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
Qy 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Db 841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
Qy 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Db 901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
Qy 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Db 961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
Qy 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Db 1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
Qy 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Db 1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
Qy 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Db 1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
Qy 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Db 1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
Qy 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Db 1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
Qy 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Db 1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
Qy 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Db 1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
Qy 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Db 1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
Qy 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Db 1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
Qy 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Db 1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
Qy 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Db 1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
Qy 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Db 1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
Qy 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Db 1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
Qy 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Db 1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
Qy 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Db 1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
Qy 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Db 1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
Qy 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Db 1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
Qy 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Db 2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
Qy 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Db 2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
Qy 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Db 2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
Qy 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
Db 2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

```
Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
```

```
Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
```

```
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
```

```
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
```

```
Db    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 8
US-08-834-497A-7
; Sequence 7, Application US/08834497A
; Patent No. 6140305
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David

```
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  HEREDITARY HEMOCHROMATOSIS GENE PRODUCTS
;    NUMBER OF SEQUENCES:  76
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036-2811
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  FastSEQ for Windows Version 2.0b
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/834,497A
;      FILING DATE:  04-APR-1997
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/652,265
;      FILING DATE:  23-MAY-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/632,673
;      FILING DATE:  16-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US 08/630,912
;      FILING DATE:  04-APR-1996
;      CLASSIFICATION:  514
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0056-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  650-493-4935
;      TELEFAX:  650-493-5556
;      TELEX:  66141 PENNIE
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  7:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  and 24d2 mutations"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene containing a combination of both
;      OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  cDNA containing a combination of both
;      OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles
;      OTHER INFORMATION:  (SEQ ID NO:12)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-08-834-497A-7


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 3;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
```

```
Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
```

```
Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
```

```
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
```

```
Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
```

```
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
```

```
Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
```

```
Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

```
RESULT   9
US-09-503-444A-1
; Sequence 1, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;    NUMBER OF SEQUENCES:  44
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  WordPerfect Version 8
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/503,444A
;      FILING DATE:  14-Feb-2000
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/652,265
;      FILING DATE:  23-May-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/632,673
;      FILING DATE:  16-Apr-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/630,912
;      FILING DATE:  04-Apr-1996
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0088-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  212-790-9090
;      TELEFAX:  212-869-9741
;      TELEX:  66141
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  1:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
```

```
;       LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;       LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;       OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;       OTHER INFORMATION:
;       OTHER INFORMATION:  /note= "No. 6228594mal or wild-type (unaffected)
;       OTHER INFORMATION:  Hereditary Hemochromatosis (HH) gene
;       OTHER INFORMATION:  allele"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  140..7319
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) allele
;       OTHER INFORMATION:  cDNA (SEQ ID NO:9)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  3852..3891
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;       OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d2(C)
;       OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:41)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  -
;       LOCATION:  5507..6023
;       OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;       OTHER INFORMATION:  normal or wild-type (unaffected) genomic
;       OTHER INFORMATION:  sequence surrounding variant for 24d1(G)
;       OTHER INFORMATION:  allele (SEQ ID NO:20)"
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(3872, "c")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(3878, "a")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d7
;     FEATURE:
;       NAME/KEY:  allele
;       LOCATION:  replace(5834, "g")
;       OTHER INFORMATION:  /phenotype= "normal or wild-type
;       OTHER INFORMATION:  (unaffected)"
;       OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-09-503-444A-1


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 4;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
```

```
Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
```

```
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT  10
US-09-503-444A-3
; Sequence 3, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Thomas, Winston J.
;    APPLICANT:  Drayna, Dennis T.
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Gnirke, Andreas
;    APPLICANT:  Ruddy, David
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;    NUMBER OF SEQUENCES:  44
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  WordPerfect Version 8
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/503,444A
;      FILING DATE:  14-Feb-2000
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/652,265
;      FILING DATE:  23-May-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/632,673
;      FILING DATE:  16-Apr-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/630,912
;      FILING DATE:  04-Apr-1996
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0088-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  212-790-9090
;      TELEFAX:  212-869-9741
;      TELEX:  66141
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  3:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  mutation"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene 24d1 allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  24d1 allele cDNA (SEQ ID NO:10)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(C) allele (SEQ ID NO:41)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-09-503-444A-3


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 4;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy    2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy    2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy    2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
```

```
Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
```

```
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db    8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
           |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 11
US-09-503-444A-5
; Sequence 5, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta

```
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Hereditary Hemochromatosis Gene
;    NUMBER OF SEQUENCES:  44
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  Pennie & Edmonds LLP
;      STREET:  1155 Avenue of the Americas
;      CITY:  New York
;      STATE:  New York
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  10036
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  Windows 95
;      SOFTWARE:  WordPerfect Version 8
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/09/503,444A
;      FILING DATE:  14-Feb-2000
;      CLASSIFICATION:
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/652,265
;      FILING DATE:  23-May-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/632,673
;      FILING DATE:  16-Apr-1996
;    PRIOR APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  08/630,912
;      FILING DATE:  04-Apr-1996
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Poissant, Brian M.
;      REGISTRATION NUMBER:  28,462
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  8907-0088-999
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  212-790-9090
;      TELEFAX:  212-869-9741
;      TELEX:  66141
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  5:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  10825 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  single
;      TOPOLOGY:  linear
;    MOLECULE TYPE:  DNA (genomic)
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  CDS
;      LOCATION:  join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
;      LOCATION:  6040..6153, 7107..7147)
;      OTHER INFORMATION:  /product= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  mutation"
;      OTHER INFORMATION:  /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
;      OTHER INFORMATION:  gene 24d2 allele"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  140..7319
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  24d2 allele cDNA (SEQ ID NO:11)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(G) allele (SEQ ID NO:20)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
US-09-503-444A-5


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 4;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
```

```
Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
```

```
Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
```

```
Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
```

```
Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
```

RESULT 12
US-09-503-444A-7
; Sequence 7, Application US/09503444A
; Patent No. 6228594
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Thomas, Winston J.
; APPLICANT: Drayna, Dennis T.
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Gnirke, Andreas
; APPLICANT: Ruddy, David
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.
; TITLE OF INVENTION: Hereditary Hemochromatosis Gene
; NUMBER OF SEQUENCES: 44
; CORRESPONDENCE ADDRESS:
; ADDRESSEE: Pennie & Edmonds LLP
; STREET: 1155 Avenue of the Americas
; CITY: New York
; STATE: New York
; COUNTRY: USA
; ZIP: 10036
; COMPUTER READABLE FORM:
; MEDIUM TYPE: Floppy disk
; COMPUTER: IBM PC compatible
; OPERATING SYSTEM: Windows 95
; SOFTWARE: WordPerfect Version 8
; CURRENT APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: US/09/503,444A
; FILING DATE: 14-Feb-2000
; CLASSIFICATION:
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/652,265
; FILING DATE: 23-May-1996
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/632,673
; FILING DATE: 16-Apr-1996
; PRIOR APPLICATION DATA:
; APPLICATION NUMBER: 08/630,912
; FILING DATE: 04-Apr-1996
; ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
; NAME: Poissant, Brian M.
; REGISTRATION NUMBER: 28,462
; REFERENCE/DOCKET NUMBER: 8907-0088-999
; TELECOMMUNICATION INFORMATION:
; TELEPHONE: 212-790-9090
; TELEFAX: 212-869-9741
; TELEX: 66141
; INFORMATION FOR SEQ ID NO: 7:
; SEQUENCE CHARACTERISTICS:
; LENGTH: 10825 base pairs
; TYPE: nucleic acid
; STRANDEDNESS: single
; TOPOLOGY: linear
; MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: join(361..436, 3762..4025, 4235..4510, 5606..5881,
; LOCATION: 6040..6153, 7107..7147)
; OTHER INFORMATION: /product= "Hereditary Hemochromatosis
; OTHER INFORMATION:
; OTHER INFORMATION: and 24d2 mutations"
; OTHER INFORMATION: /note= "Hereditary Hemochromatosis (HH)
; OTHER INFORMATION: gene containing a combination of both
; OTHER INFORMATION: 24d1 and 24d2 alleles"
; FEATURE:
; NAME/KEY: -
; LOCATION: 140..7319
; OTHER INFORMATION: /note= "start and stop positions for
; OTHER INFORMATION: cDNA containing a combination of both

```
;      OTHER INFORMATION:  24d1 and 24d2 alleles
;      OTHER INFORMATION:  (SEQ ID NO:12)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  3852..3891
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d2(G) allele (SEQ ID NO:42)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  -
;      LOCATION:  5507..6023
;      OTHER INFORMATION:  /note= "start and stop positions for
;      OTHER INFORMATION:  genomic sequence surrounding variant
;      OTHER INFORMATION:  for 24d1(A) allele (SEQ ID NO:21)"
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(3872, "g")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d2
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  allele
;      LOCATION:  replace(5834, "a")
;      OTHER INFORMATION:  /phenotype= "Hereditary Hemochromatosis
;      OTHER INFORMATION:
;      OTHER INFORMATION:  /label= 24d1
US-09-503-444A-7


  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 4;  Length 10825;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60

Qy     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120

Qy    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180

Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
```

```
Db   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGGG 2040

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATGATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
```

```
Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
```

```
Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5821 CAGAGATATACGTACCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
```

```
Db   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Db   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
Db   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
```

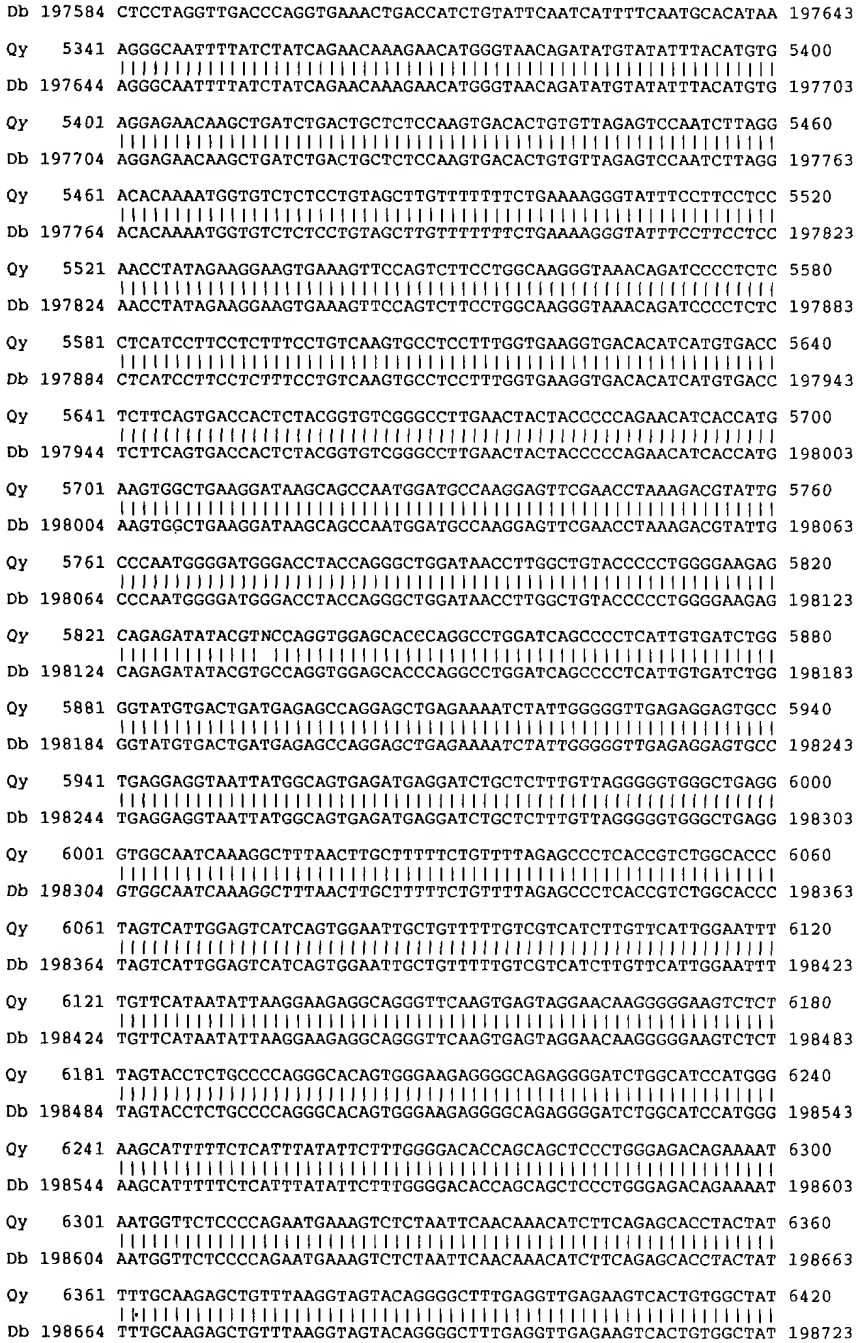
```
Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020

Qy   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080

Qy   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140

Qy   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200

Qy   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA 10260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTTAAGCTTAA 10260

Qy   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320

Qy   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380

Qy   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440

Qy   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500

Qy   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560

Qy   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620

Qy   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680

Qy   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740

Qy   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800

Qy   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
             |||||||||||||||||||||||||
Db   10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825


RESULT 13
US-08-724-394A-20
; Sequence 20, Application US/08724394A
; Patent No. 5872237
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Kronmal, Gregory S.
;    APPLICANT:  Lauer, Peter M.
;    APPLICANT:  Ruddy, David A.
;    APPLICANT:  Thomas, Winston
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Megabase Transcript Map:  No. 5872237el
;    TITLE OF INVENTION:  Sequences and Antibodies Thereto
;    NUMBER OF SEQUENCES:  31
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  TOWNSEND and TOWNSEND and CREW LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  CA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/724,394A
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Fitts, Renee A.
;      REGISTRATION NUMBER:  35,136
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  017957-000100
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  415-576-0200
;      TELEFAX:  415-576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  20:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  246240 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  not relevant
;      TOPOLOGY:  not relevant
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  misc_feature
;      LOCATION:  1..246240
;      OTHER INFORMATION:  /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-20

  Query Match             100.0%;  Score 10823;  DB 2;  Length 246240;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy        1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy       61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy      121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy      181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy      241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy      301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy      361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy      421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy      481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy      541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy      601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy      661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy      721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy      781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy      841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy      901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy    1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy    1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy    1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy    1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy    1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy    1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy    1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
           !!||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343
```

```
Qy    2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy    2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy    2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy    2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy    2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy    2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy    2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy    2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy    2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy    2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy    2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy    2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy    2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy    2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy    2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy    2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy    3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy    3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423
```

```
Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083

Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```


Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643
Qy 5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703
Qy 5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763
Qy 5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823
Qy 5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883
Qy 5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943
Qy 5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003
Qy 5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063
Qy 5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123
Qy 5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183
Qy 5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243
Qy 5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803

```
Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128
```

```
RESULT  14
US-08-724-394A-21
; Sequence 21, Application US/08724394A
; Patent No. 5872237
;  GENERAL INFORMATION:
;    APPLICANT:  Feder, John N.
;    APPLICANT:  Kronmal, Gregory S.
;    APPLICANT:  Lauer, Peter M.
;    APPLICANT:  Ruddy, David A.
;    APPLICANT:  Thomas, Winston
;    APPLICANT:  Tsuchihashi, Zenta
;    APPLICANT:  Wolff, Roger K.
;    TITLE OF INVENTION:  Megabase Transcript Map:  No. 5872237e1
;    TITLE OF INVENTION:  Sequences and Antibodies Thereto
;    NUMBER OF SEQUENCES:  31
;    CORRESPONDENCE ADDRESS:
;      ADDRESSEE:  TOWNSEND and TOWNSEND and CREW LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  CA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/724,394A
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Fitts, Renee A.
;      REGISTRATION NUMBER:  35,136
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  017957-000100
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  415-576-0200
;      TELEFAX:  415-576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  21:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  246240 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  not relevant
;      TOPOLOGY:  not relevant
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  misc_feature
;      LOCATION:  1..246240
;      OTHER INFORMATION:  /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-21


  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 2;  Length 246240;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483
```

```
Qy    181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy    241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy    301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy    361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy    421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy    481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy    541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy    601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy    661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy    721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy    781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy    841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy    901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy    961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy   1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy   1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy   1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy   1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy   1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy   1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy   1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy   1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy   1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy   1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy     2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy     2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy     2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy     2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy     2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAAATACAAAAATTA 2700
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy     2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy     2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy     2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy     2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy     2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy     3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy     3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy     3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483

Qy     3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543

Qy     3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy     3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy     3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy     3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy     3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy     3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy     3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy     3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy     3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083

Qy     3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy     3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Db   196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy     3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy     3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy     4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy     4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy     4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy     4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy     4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy     4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy     4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy     4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy     4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863
```

```
Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303

Qy   6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363

Qy   6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423

Qy   6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483

Qy   6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543

Qy   6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603

Qy   6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663

Qy   6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723

Qy   6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783

Qy   6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843

Qy   6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903

Qy   6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963

Qy   6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023

Qy   6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
```

```
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083

Qy   6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840

Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143

Qy   6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900

Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203

Qy   6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960

Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263

Qy   6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020

Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323

Qy   7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080

Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383

Qy   7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140

Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443

Qy   7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200

Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503

Qy   7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260

Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563

Qy   7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320

Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623

Qy   7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380

Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683

Qy   7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440

Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743

Qy   7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500

Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803

Qy   7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560

Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863

Qy   7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620

Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923

Qy   7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680

Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983

Qy   7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740

Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043

Qy   7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800

Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103

Qy   7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860

Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163

Qy   7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920

Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223

Qy   7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980

Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283

Qy   7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040

Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343

Qy   8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100

Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403

Qy   8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160

Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220

Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280

Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340

Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400

Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460

Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520

Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580

Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640

Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700

Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760

Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820

Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880

Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940

Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243
```

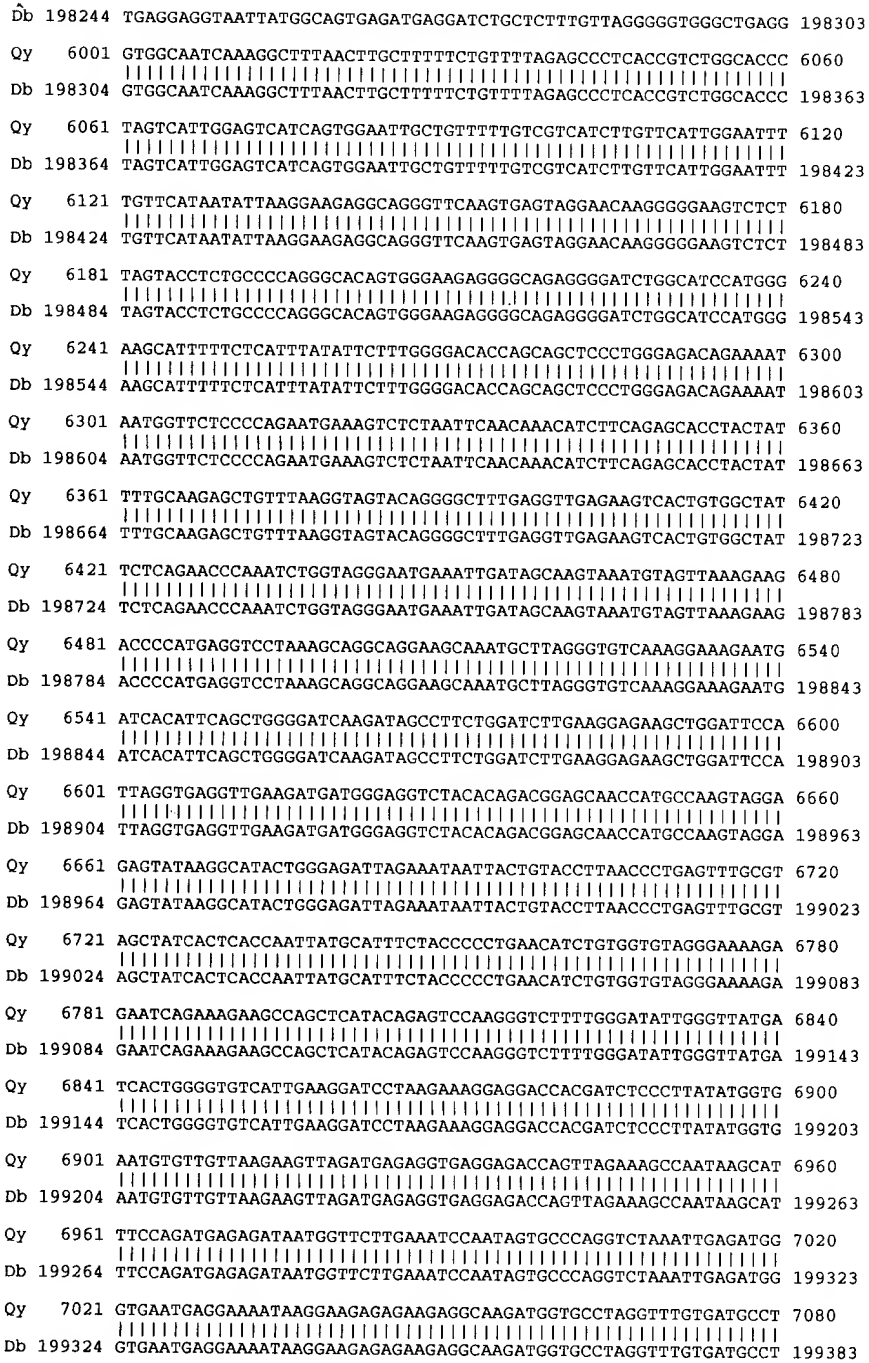
```
Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128
```

RESULT 15
US-08-724-394A-22
; Sequence 22, Application US/08724394A
; Patent No. 5872237
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Feder, John N.
; APPLICANT: Kronmal, Gregory S.
; APPLICANT: Lauer, Peter M.
; APPLICANT: Ruddy, David A.
; APPLICANT: Thomas, Winston
; APPLICANT: Tsuchihashi, Zenta
; APPLICANT: Wolff, Roger K.
; TITLE OF INVENTION: Megabase Transcript Map: No. 5872237el
; TITLE OF INVENTION: Sequences and Antibodies Thereto
; NUMBER OF SEQUENCES: 31
; CORRESPONDENCE ADDRESS:

```
;      ADDRESSEE:  TOWNSEND and TOWNSEND and CREW LLP
;      STREET:  Two Embarcadero Center, 8th Floor
;      CITY:  San Francisco
;      STATE:  CA
;      COUNTRY:  USA
;      ZIP:  94111-3834
;    COMPUTER READABLE FORM:
;      MEDIUM TYPE:  Floppy disk
;      COMPUTER:  IBM PC compatible
;      OPERATING SYSTEM:  PC-DOS/MS-DOS
;      SOFTWARE:  PatentIn Release #1.0, Version #1.30
;    CURRENT APPLICATION DATA:
;      APPLICATION NUMBER:  US/08/724,394A
;      FILING DATE:  01-OCT-1996
;      CLASSIFICATION:  536
;    ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
;      NAME:  Fitts, Renee A.
;      REGISTRATION NUMBER:  35,136
;      REFERENCE/DOCKET NUMBER:  017957-000100
;    TELECOMMUNICATION INFORMATION:
;      TELEPHONE:  415-576-0200
;      TELEFAX:  415-576-0300
;  INFORMATION FOR SEQ ID NO:  22:
;    SEQUENCE CHARACTERISTICS:
;      LENGTH:  246240 base pairs
;      TYPE:  nucleic acid
;      STRANDEDNESS:  not relevant
;      TOPOLOGY:  not relevant
;    MOLECULE TYPE:  cDNA
;    FEATURE:
;      NAME/KEY:  misc_feature
;      LOCATION:  1..246240
;      OTHER INFORMATION:  /note= "HLA-H.CONTIG"
US-08-724-394A-22

  Query Match           100.0%;  Score 10823;  DB 2;  Length 246240;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 10823;  Conservative    0;  Mismatches    2;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       1 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192304 TCTAAGGTTGAGATAAAATTTTTAAATGTATGATTGAATTTTGAAAATCATAAATATTTA 192363

Qy      61 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192364 AATATCTAAAGTTCAGATCAGAACATTGCGAAGCTACTTTCCCCAATCAACAACACCCCT 192423

Qy     121 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192424 TCAGGATTTAAAAACCAAGGGGGACACTGGATCACCTAGTGTTTCACAAGCAGGTACCTT 192483

Qy     181 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192484 CTGCTGTAGGAGAGAGAGAACTAAAGTTCTGAAAGACCTGTTGCTTTTCACCAGGAAGTT 192543

Qy     241 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192544 TTACTGGGCATCTCCTGAGCCTAGGCAATAGCTGTAGGGTGACTTCTGGAGCCATCCCCG 192603

Qy     301 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192604 TTTCCCCGCCCCCCAAAAGAAGCGGAGATTTAACGGGGACGTGCGGCCAGAGCTGGGGAA 192663

Qy     361 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192664 ATGGGCCCGCGAGCCAGGCCGGCGCTTCTCCTCCTGATGCTTTTGCAGACCGCGGTCCTG 192723

Qy     421 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192724 CAGGGGCGCTTGCTGCGTGAGTCCGAGGGCTGCGGGCGAACTAGGGGCGCGGCGGGGGTG 192783

Qy     481 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192784 GAAAAATCGAAACTAGCTTTTTCTTTGCGCTTGGGAGTTTGCTAACTTTGGAGGACCTGC 192843

Qy     541 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192844 TCAACCCTATCCGCAAGCCCCTCTCCCTACTTTCTGCGTCCAGACCCCGTGAGGGAGTGC 192903

Qy     601 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192904 CTACCACTGAACTGCAGATAGGGGTCCCTCGCCCCAGGACCTGCCCCCTCCCCCGGCTGT 192963

Qy     661 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 192964 CCCGGCTCTGCGGAGTGACTTTTGGAACCGCCCACTCCCTTCCCCCAACTAGAATGCTTT 193023

Qy     721 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193024 TAAATAAATCTCGTAGTTCCTCACTTGAGCTGAGCTAAGCCTGGGGCTCCTTGAACCTGG 193083

Qy     781 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193084 AACTCGGGTTTATTTCCAATGTCAGCTGTGCAGTTTTTTCCCCAGTCATCTCCAAACAGG 193143

Qy     841 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193144 AAGTTCTTCCCTGAGTGCTTGCCGAGAAGGCTGAGCAAACCCACAGCAGGATCCGCACGG 193203

Qy     901 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193204 GGTTTCCACCTCAGAACGAATGCGTTGGGCGGTGGGGGCGCGAAAGAGTGGCGTTGGGGA 193263

Qy     961 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193264 TCTGAATTCTTCACCATTCCACCCACTTTTGGTGAGACCTGGGGTGGAGGTCTCTAGGGT 193323

Qy    1021 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193324 GGGAGGCTCCTGAGAGAGGCCTACCTCGGGCCTTTCCCCACTCTTGGCAATTGTTCTTTT 193383

Qy    1081 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193384 GCCTGGAAAATTAAGTATATGTTAGTTTTGAACGTTTGAACTGAACAATTCTCTTTTCGG 193443

Qy    1141 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193444 CTAGGCTTTATTGATTTGCAATGTGCTGTGTAATTAAGAGGCCTCTCTACAAAGTACTGA 193503

Qy    1201 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193504 TAATGAACATGTAAGCAATGCACTCACTTCTAAGTTACATTCATATCTGATCTTATTTGA 193563

Qy    1261 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193564 TTTTCACTAGGCATAGGGAGGTAGGAGCTAATAATACGTTTATTTTACTAGAAGTTAACT 193623

Qy    1321 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193624 GGAATTCAGATTATATAACTCTTTTCAGGTTACAAAGAACATAAATAATCTGGTTTTCTG 193683

Qy    1381 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193684 ATGTTATTTCAAGTACTACAGCTGCTTCTAATCTTAGTTGACAGTGATTTTGCCCTGTAG 193743

Qy    1441 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193744 TGTAGCACAGTGTTCTGTGGGTCACACGCCGGCCTCAGCACAGCACTTTGAGTTTTGGTA 193803

Qy    1501 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193804 CTACGTGTATCCACATTTTACACATGACAAGAATGAGGCATGGCACGGCCTGCTTCCTGG 193863

Qy    1561 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 193864 CAAATTTATTCAATGGTACACTGGGCTTTGGTGGCAGAGCTCATGTCTCCACTTCATAGC 193923

Qy   1621 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193924 TATGATTCTTAAACATCACACTGCATTAGAGGTTGAATAATAAAATTTCATGTTGAGCAG 193983

Qy   1681 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 193984 AAATATTCATTGTTTACAAGTGTAAATGAGTCCCAGCCATGTGTTGCACTGTTCAAGCCC 194043

Qy   1741 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194044 CAAGGGAGAGAGCAGGGAAACAAGTCTTTACCCTTTGATATTTTGCATTCTAGTGGGAGA 194103

Qy   1801 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194104 GATGACAATAAGCAAATGAGCAGAAAGATATACAACATCAGGAAATCATGGGTGTTGTGA 194163

Qy   1861 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194164 GAAGCAGAGAAGTCAGGGCAAGTCACTCTGGGGCTGACACTTGAGCAGAGACATGAAGGA 194223

Qy   1921 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194224 AATAAGAATGATATTGACTGGGAGCAGTATTTCCCAGGCAAACTGAGTGGGCCTGGCAAG 194283

Qy   1981 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194284 TTGGATTAAAAAGCGGGTTTTCTCAGCACTACTCATGTGTGTGTGTGGGGGGGGGGGG 194343

Qy   2041 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194344 CGGCGTGGGGGTGGGAAGGGGGACTACCATCTGCATGTAGGATGTCTAGCAGTATCCTGT 194403

Qy   2101 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194404 CCTCCCTACTCACTAGGTGCTAGGAGCACTCCCCCAGTCTTGACAACCAAAAATGTCTCT 194463

Qy   2161 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194464 AAACTTTGCCACATGTCACCTAGTAGACAAACTCCTGGTTAAGAAGCTCGGGTTGAAAAA 194523

Qy   2221 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194524 AATAAACAAGTAGTGCTGGGGAGTAGAGGCCAAGAAGTAGGTAATGGGCTCAGAAGAGGA 194583

Qy   2281 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194584 GCCACAAACAAGGTTGTGCAGGCGCCTGTAGGCTGTGGTGTGAATTCTAGCCAAGGAGTA 194643

Qy   2341 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 2400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194644 ACAGTGATCTGTCACAGGCTTTTAAAAGATTGCTCTGGCTGCTATGTGGAAAGCAGAATG 194703

Qy   2401 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 2460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194704 AAGGGAGCAACAGTAAAAGCAGGGAGCCCAGCCAGGAAGCTGTTACACAGTCCAGGCAAG 194763

Qy   2461 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 2520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194764 AGGTAGTGGAGTGGGCTGGGTGGGAACAGAAAAGGGAGTGACAAACCATTGTCTCCTGAA 194823

Qy   2521 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 2580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194824 TATATTCTGAAGGAAGTTGCTGAAGGATTCTATGTTGTGTGAGAGAAAGAGAAGAATTGG 194883

Qy   2581 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 2640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194884 CTGGGTGTAGTAGCTCATGCCAAGGAGGAGGCCAAGGAGAGCAGATTCCTGAGCTCAGGA 194943

Qy   2641 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 2700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 194944 GTTCAAGACCAGCCTGGGCAACACAGCAAAACCCCTTCTCTACAAAAAATACAAAAATTA 195003

Qy   2701 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 2760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195004 GCTGGGTGTGGTGGCATGCACCTGTGATCCTAGCTACTCGGGAGGCTGAGGTGGAGGGTA 195063

Qy   2761 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 2820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195064 TTGCTTGAGCCCAGGAAGTTGAGGCTGCAGTGAGCCATGACTGTGCCACTGTACTTCAGC 195123

Qy   2821 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 2880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195124 CTAGGTGACAGAGCAAGACCCTGTCTCCCCTGACCCCCTGAAAAAGAGAAGAGTTAAAGT 195183

Qy   2881 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 2940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195184 TGACTTTGTTCTTTATTTTAATTTTATTGGCCTGAGCAGTGGGGTAATTGGCAATGCCAT 195243

Qy   2941 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 3000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195244 TTCTGAGATGGTGAAGGCAGAGGAAAGAGCAGTTTGGGGTAAATCAAGGATCTGCATTTG 195303

Qy   3001 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 3060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195304 GGACATGTTAAGTTTGAGATTCCAGTCAGGCTTCCAAGTGGTGAGGCCACATAGGCAGTT 195363

Qy   3061 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 3120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195364 CAGTGTAAGAATTCAGGACCAAGGCTGGGCACGGTGGCTCACTTCTGTAATCCCAGCACT 195423

Qy   3121 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 3180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195424 TTGGTGGCTGAGGCAGGTAGATCATTTGAGGTCAGGAGTTTGAGACAAGCTTGGCCAACA 195483

Qy   3181 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 3240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195484 TGGTGAAACCCCATGTCTACTAAAAATACAAAAATTAGCCTGGTGTGGTGGCGCACGCCT 195543

Qy   3241 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 3300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195544 ATAGTCCCAGGTTTTCAGGAGGCTTAGGTAGGAGAATCCCTTGAACCCAGGAGGTGCAGG 195603

Qy   3301 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 3360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195604 TTGCAGTGAGCTGAGATTGTGCCACTGCACTCCAGCCTGGGTGATAGAGTGAGACTCTGT 195663

Qy   3361 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 3420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195664 CTCAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAAACTGAAGGAATTATTCCTCAGGATTTGGG 195723

Qy   3421 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 3480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195724 TCTAATTTGCCCTGAGCACCAACTCCTGAGTTCAACTACCATGGCTAGACACACCTTAAC 195783

Qy   3481 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 3540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195784 ATTTTCTAGAATCCACCAGCTTTAGTGGAGTCTGTCTAATCATGAGTATTGGAATAGGAT 195843

Qy   3541 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 3600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195844 CTGGGGGCAGTGAGGGGGTGGCAGCCACGTGTGGCAGAGAAAAGCACACAAGGAAAGAGC 195903

Qy   3601 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 3660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195904 ACCCAGGACTGTCATATGGAAGAAAGACAGGACTGCAACTCACCCTTCACAAAATGAGGA 195963

Qy   3661 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 3720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 195964 CCAGACACAGCTGATGGTATGAGTTGATGCAGGTGTGTGGAGCCTCAACATCCTGCTCCC 196023

Qy   3721 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 3780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196024 CTCCTACTACACATGGTTAAGGCCTGTTGCTCTGTCTCCAGGTTCACACTCTCTGCACTA 196083
```

```
Qy   3781 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 3840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196084 CCTCTTCATGGGTGCCTCAGAGCAGGACCTTGGTCTTTCCTTGTTTGAAGCTTTGGGCTA 196143

Qy   3841 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATNATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 3900
          |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196144 CGTGGATGACCAGCTGTTCGTGTTCTATGATCATGAGAGTCGCCGTGTGGAGCCCCGAAC 196203

Qy   3901 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 3960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196204 TCCATGGGTTTCCAGTAGAATTTCAAGCCAGATGTGGCTGCAGCTGAGTCAGAGTCTGAA 196263

Qy   3961 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 4020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196264 AGGGTGGGATCACATGTTCACTGTTGACTTCTGGACTATTATGGAAAATCACAACCACAG 196323

Qy   4021 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 4080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196324 CAAGGGTATGTGGAGAGGGGGCCTCACCTTCCTGAGGTTGTCAGAGCTTTTCATCTTTTC 196383

Qy   4081 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 4140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196384 ATGCATCTTGAAGGAAACAGCTGGAAGTCTGAGGTCTTGTGGGAGCAGGGAAGAGGGAAG 196443

Qy   4141 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 4200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196444 GAATTTGCTTCCTGAGATCATTTGGTCCTTGGGGATGGTGGAAATAGGGACCTATTCCTT 196503

Qy   4201 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 4260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196504 TGGTTGCAGTTAACAAGGCTGGGGATTTTTCCAGAGTCCCACACCCTGCAGGTCATCCTG 196563

Qy   4261 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 4320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196564 GGCTGTGAAATGCAAGAAGACAACAGTACCGAGGGCTACTGGAAGTACGGGTATGATGGG 196623

Qy   4321 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 4380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196624 CAGGACCACCTTGAATTCTGCCCTGACACACTGGATTGGAGAGCAGCAGAACCCAGGGCC 196683

Qy   4381 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 4440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196684 TGGCCCACCAAGCTGGAGTGGGAAAGGCACAAGATTCGGGCCAGGCAGAACAGGGCCTAC 196743

Qy   4441 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 4500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196744 CTGGAGAGGGACTGCCCTGCACAGCTGCAGCAGTTGCTGGAGCTGGGGAGAGGTGTTTTG 196803

Qy   4501 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 4560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196804 GACCAACAAGGTATGGTGGAAACACACTTCTGCCCCTATACTCTAGTGGCAGAGTGGAGG 196863

Qy   4561 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 4620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196864 AGGTTGCAGGGCACGGAATCCCTGGTTGGAGTTTCAGAGGTGGCTGAGGCTGTGTGCCTC 196923

Qy   4621 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 4680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196924 TCCAAATTCTGGGAAGGGACTTTCTCAATCCTAGAGTCTCTACCTTATAATTGAGATGTA 196983

Qy   4681 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 4740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 196984 TGAGACAGCCACAAGTCATGGGTTTAATTTCTTTTCTCCATGCATATGGCTCAAAGGGAA 197043

Qy   4741 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 4800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197044 GTGTCTATGGCCCTTGCTTTTTATTTAACCAATAATCTTTTGTATATTTATACCTGTTAA 197103

Qy   4801 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 4860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197104 AAATTCAGAAATGTCAAGGCCGGGCACGGTGGCTCACCCCTGTAATCCCAGCACTTTGGG 197163

Qy   4861 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 4920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197164 AGGCCGAGGCGGGTGGTCACAAGGTCAGGAGTTTGAGACCAGCCTGACCAACATGGTGAA 197223

Qy   4921 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 4980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197224 ACCCGTCTCTAAAAAAATACAAAAATTAGCTGGTCACAGTCATGCGCACCTGTAGTCCCA 197283

Qy   4981 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 5040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197284 GCTAATTGGAAGGCTGAGGCAGGAGCATCGCTTGAACCTGGGAAGCGGAAGTTGCACTGA 197343

Qy   5041 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 5100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197344 GCCAAGATCGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGCAGCAGAGTGAGACTCCATCTTAAAAAA 197403

Qy   5101 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 5160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197404 AAAAAAAAAAAAAAAAAAGAGAATTCAGAGATCTCAGCTATCATATGAATACCAGGACAAA 197463

Qy   5161 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 5220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197464 ATATCAAGTGAGGCCACTTATCAGAGTAGAAGAATCCTTTAGGTTAAAAGTTTCTTTCAT 197523

Qy   5221 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 5280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197524 AGAACATAGCAATAATCACTGAAGCTACCTATCTTACAAGTCCGCTTCTTATAACAATGC 197583

Qy   5281 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 5340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197584 CTCCTAGGTTGACCCAGGTGAAACTGACCATCTGTATTCAATCATTTTCAATGCACATAA 197643

Qy   5341 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 5400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197644 AGGGCAATTTTATCTATCAGAACAAAGAACATGGGTAACAGATATGTATATTTACATGTG 197703

Qy   5401 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 5460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197704 AGGAGAACAAGCTGATCTGACTGCTCTCCAAGTGACACTGTGTTAGAGTCCAATCTTAGG 197763

Qy   5461 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 5520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197764 ACACAAAATGGTGTCTCTCCTGTAGCTTGTTTTTTTCTGAAAAGGGTATTTCCTTCCTCC 197823

Qy   5521 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 5580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197824 AACCTATAGAAGGAAGTGAAAGTTCCAGTCTTCCTGGCAAGGGTAAACAGATCCCCTCTC 197883

Qy   5581 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 5640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197884 CTCATCCTTCCTCTTTCCTGTCAAGTGCCTCCTTTGGTGAAGGTGACACATCATGTGACC 197943

Qy   5641 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 5700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 197944 TCTTCAGTGACCACTCTACGGTGTCGGGCCTTGAACTACTACCCCCAGAACATCACCATG 198003

Qy   5701 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 5760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198004 AAGTGGCTGAAGGATAAGCAGCCAATGGATGCCAAGGAGTTCGAACCTAAAGACGTATTG 198063

Qy   5761 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 5820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198064 CCCAATGGGGATGGGACCTACCAGGGCTGGATAACCTTGGCTGTACCCCCTGGGGAAGAG 198123

Qy   5821 CAGAGATATACGTNCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 5880
          |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198124 CAGAGATATACGTGCCAGGTGGAGCACCCAGGCCTGGATCAGCCCCTCATTGTGATCTGG 198183

Qy   5881 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 5940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 198184 GGTATGTGACTGATGAGAGCCAGGAGCTGAGAAAATCTATTGGGGGGTTGAGAGGAGTGCC 198243

Qy   5941 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 6000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```


Db 198244 TGAGGAGGTAATTATGGCAGTGAGATGAGGATCTGCTCTTTGTTAGGGGGTGGGCTGAGG 198303
Qy 6001 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 6060
Db 198304 GTGGCAATCAAAGGCTTTAACTTGCTTTTTCTGTTTTAGAGCCCTCACCGTCTGGCACCC 198363
Qy 6061 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 6120
Db 198364 TAGTCATTGGAGTCATCAGTGGAATTGCTGTTTTTGTCGTCATCTTGTTCATTGGAATTT 198423
Qy 6121 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 6180
Db 198424 TGTTCATAATATTAAGGAAGAGGCAGGGTTCAAGTGAGTAGGAACAAGGGGGAAGTCTCT 198483
Qy 6181 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 6240
Db 198484 TAGTACCTCTGCCCCAGGGCACAGTGGGAAGAGGGGCAGAGGGGATCTGGCATCCATGGG 198543
Qy 6241 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 6300
Db 198544 AAGCATTTTTCTCATTTATATTCTTTGGGGACACCAGCAGCTCCCTGGGAGACAGAAAAT 198603
Qy 6301 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 6360
Db 198604 AATGGTTCTCCCCAGAATGAAAGTCTCTAATTCAACAAACATCTTCAGAGCACCTACTAT 198663
Qy 6361 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 6420
Db 198664 TTTGCAAGAGCTGTTTAAGGTAGTACAGGGGCTTTGAGGTTGAGAAGTCACTGTGGCTAT 198723
Qy 6421 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 6480
Db 198724 TCTCAGAACCCAAATCTGGTAGGGAATGAAATTGATAGCAAGTAAATGTAGTTAAAGAAG 198783
Qy 6481 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 6540
Db 198784 ACCCCATGAGGTCCTAAAGCAGGCAGGAAGCAAATGCTTAGGGTGTCAAAGGAAAGAATG 198843
Qy 6541 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 6600
Db 198844 ATCACATTCAGCTGGGGATCAAGATAGCCTTCTGGATCTTGAAGGAGAAGCTGGATTCCA 198903
Qy 6601 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 6660
Db 198904 TTAGGTGAGGTTGAAGATGATGGGAGGTCTACACAGACGGAGCAACCATGCCAAGTAGGA 198963
Qy 6661 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 6720
Db 198964 GAGTATAAGGCATACTGGGAGATTAGAAATAATTACTGTACCTTAACCCTGAGTTTGCGT 199023
Qy 6721 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 6780
Db 199024 AGCTATCACTCACCAATTATGCATTTCTACCCCCTGAACATCTGTGGTGTAGGGAAAAGA 199083
Qy 6781 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 6840
Db 199084 GAATCAGAAAGAAGCCAGCTCATACAGAGTCCAAGGGTCTTTTGGGATATTGGGTTATGA 199143
Qy 6841 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 6900
Db 199144 TCACTGGGGTGTCATTGAAGGATCCTAAGAAAGGAGGACCACGATCTCCCTTATATGGTG 199203
Qy 6901 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 6960
Db 199204 AATGTGTTGTTAAGAAGTTAGATGAGAGGTGAGGAGACCAGTTAGAAAGCCAATAAGCAT 199263
Qy 6961 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 7020
Db 199264 TTCCAGATGAGAGATAATGGTTCTTGAAATCCAATAGTGCCCAGGTCTAAATTGAGATGG 199323
Qy 7021 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 7080
Db 199324 GTGAATGAGGAAAATAAGGAAGAGAGAAGAGGCAAGATGGTGCCTAGGTTTGTGATGCCT 199383
Qy 7081 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 7140
Db 199384 CTTTCCTGGGTCTCTTGTCTCCACAGGAGGAGCCATGGGGCACTACGTCTTAGCTGAACG 199443
Qy 7141 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 7200
Db 199444 TGAGTGACACGCAGCCTGCAGACTCACTGTGGGAAGGAGACAAAACTAGAGACTCAAAGA 199503
Qy 7201 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 7260
Db 199504 GGGAGTGCATTTATGAGCTCTTCATGTTTCAGGAGAGAGTTGAACCTAAACATAGAAATT 199563
Qy 7261 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 7320
Db 199564 GCCTGACGAACTCCTTGATTTTAGCCTTCTCTGTTCATTTCCTCAAAAAGATTTCCCCAT 199623
Qy 7321 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 7380
Db 199624 TTAGGTTTCTGAGTTCCTGCATGCCGGTGATCCCTAGCTGTGACCTCTCCCCTGGAACTG 199683
Qy 7381 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 7440
Db 199684 TCTCTCATGAACCTCAAGCTGCATCTAGAGGCTTCCTTCATTTCCTCCGTCACCTCAGAG 199743
Qy 7441 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 7500
Db 199744 ACATACACCTATGTCATTTCATTTCCTATTTTTGGAAGAGGACTCCTTAAATTTGGGGGA 199803
Qy 7501 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 7560
Db 199804 CTTACATGATTCATTTTAACATCTGAGAAAAGCTTTGAACCCTGGGACGTGGCTAGTCAT 199863
Qy 7561 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 7620
Db 199864 AACCTTACCAGATTTTTACACATGTATCTATGCATTTTCTGGACCCGTTCAACTTTTCCT 199923
Qy 7621 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 7680
Db 199924 TTGAATCCTCTCTCTGTGTTACCCAGTAACTCATCTGTCACCAAGCCTTGGGGATTCTTC 199983
Qy 7681 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 7740
Db 199984 CATCTGATTGTGATGTGAGTTGCACAGCTATGAAGGCTGTACACTGCACGAATGGAAGAG 200043
Qy 7741 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 7800
Db 200044 GCACCTGTCCCAGAAAAAGCATCATGGCTATCTGTGGGTAGTATGATGGGTGTTTTTAGC 200103
Qy 7801 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 7860
Db 200104 AGGTAGGAGGCAAATATCTTGAAAGGGGTTGTGAAGAGGTGTTTTTTCTAATTGGCATGA 200163
Qy 7861 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 7920
Db 200164 AGGTGTCATACAGATTTGCAAAGTTTAATGGTGCCTTCATTTGGGATGCTACTCTAGTAT 200223
Qy 7921 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 7980
Db 200224 TCCAGACCTGAAGAATCACAATAATTTTCTACCTGGTCTCTCCTTGTTCTGATAATGAAA 200283
Qy 7981 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 8040
Db 200284 ATTATGATAAGGATGATAAAAGCACTTACTTCGTGTCCGACTCTTCTGAGCACCTACTTA 200343
Qy 8041 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 8100
Db 200344 CATGCATTACTGCATGCACTTCTTACAATAATTCTATGAGATAGGTACTATTATCCCCAT 200403
Qy 8101 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 8160
Db 200404 TTCTTTTTTAAATGAAGAAAGTGAAGTAGGCCGGGCACGGTGGCTCACGCCTGTAATCCC 200463

```
Qy   8161 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 8220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200464 AGCACTTTGGGAGGCCAAAGCGGGTGGATCACGAGGTCAGGAGATCGAGACCATCCTGGC 200523

Qy   8221 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 8280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200524 TAACATGGTGAAACCCCATCTCTAATAAAAATACAAAAAATTAGCTGGGCGTGGTGGCAG 200583

Qy   8281 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 8340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200584 ACGCCTGTAGTCCCAGCTACTCGGAAGGCTGAGGCAGGAGAATGGCATGAACCCAGGAGG 200643

Qy   8341 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 8400
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200644 CAGAGCTTGCAGTGAGCCGAGTTTGCGCCACTGCACTCCAGCCTAGGTGACAGAGTGAGA 200703

Qy   8401 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 8460
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200704 CTCCATCTCAAAAAAATAAAAATAAAAATAAAAAAATGAAAAAAAAAAGAAAGTGAAGTA 200763

Qy   8461 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 8520
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200764 TAGAGTATCTCATAGTTTGTCAGTGATAGAAACAGGTTTCAAACTCAGTCAATCTGACCG 200823

Qy   8521 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 8580
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200824 TTTGATACATCTCAGACACCACTACATTCAGTAGTTTAGATGCCTAGAATAAATAGAGAA 200883

Qy   8581 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 8640
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200884 GGAAGGAGATGGCTCTTCTCTTGTCTCATTGTGTTTCTTCTGAGTGAGCTTGAATCACAT 200943

Qy   8641 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 8700
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 200944 GAAGGGGAACAGCAGAAAACAACCAACTGATCCTCAGCTGTCATGTTTCCTTTAAAAGTC 201003

Qy   8701 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 8760
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201004 CCTGAAGGAAGGTCCTGGAATGTGACTCCCTTGCTCCTCTGTTGCTCTCTTTGGCATTCA 201063

Qy   8761 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 8820
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201064 TTTCTTTGGACCCTACGCAAGGACTGTAATTGGTGGGGACAGCTAGTGGCCCTGCTGGGC 201123

Qy   8821 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 8880
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201124 TTCACACACGGTGTCCTCCCTAGGCCAGTGCCTCTGGAGTCAGAACTCTGGTGGTATTTC 201183

Qy   8881 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 8940
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201184 CCTCAATGAAGTGGAGTAAGCTCTCTCATTTTGAGATGGTATAATGGAAGCCACCAAGTG 201243

Qy   8941 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 9000
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201244 GCTTAGAGGATGCCCAGGTCCTTCCATGGAGCCACTGGGGTTCCGGTGCACATTAAAAAA 201303

Qy   9001 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 9060
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201304 AAAATCTAACCAGGACATTCAGGAATTGCTAGATTCTGGGAAATCAGTTCACCATGTTCA 201363

Qy   9061 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 9120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201364 AAAGAGTCTTTTTTTTTTTTTTTGAGACTCTATTGCCCAGGCTGGAGTGCAATGGCATGAT 201423

Qy   9121 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 9180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201424 CTCGGCTCACTGTAACCTCTGCCTCCCAGGTTCAAGCGATTCTCCTGTCTCAGCCTCCCA 201483

Qy   9181 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 9240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201484 AGTAGCTGGGATTACAGGCGTGCACCACCATGCCCGGCTAATTTTTGTATTTTTAGTAGA 201543

Qy   9241 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 9300
```

```
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201544 GACAGGGTTTCACCATGTTGGCCAGGCTGGTCTCGAACTCTCCTGACCTCGTGATCCGCC 201603

Qy   9301 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 9360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201604 TGCCTCGGCCTCCCAAAGTGCTGAGATTACAGGTGTGAGCCACCCTGCCCAGCCGTCAAA 201663

Qy   9361 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 9420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201664 AGAGTCTTAATATATATATCCAGATGGCATGTGTTTACTTTATGTTACTACATGCACTTG 201723

Qy   9421 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 9480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201724 GCTGCATAAATGTGGTACAAGCATTCTGTCTTGAAGGGCAGGTGCTTCAGGATACCATAT 201783

Qy   9481 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 9540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201784 ACAGCTCAGAAGTTTCTTCTTTAGGCATTAAATTTTAGCAAAGATATCTCATCTCTTCTT 201843

Qy   9541 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 9600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201844 TTAAACCATTTTCTTTTTTTGTGGTTAGAAAAGTTATGTAGAAAAAAGTAAATGTGATTT 201903

Qy   9601 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 9660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201904 ACGCTCATTGTAGAAAAGCTATAAAATGAATACAATTAAAGCTGTTATTTAATTAGCCAG 201963

Qy   9661 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 9720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 201964 TGAAAAACTATTAACAACTTGTCTATTACCTGTTAGTATTATTGTTGCATTAAAAATGCA 202023

Qy   9721 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 9780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202024 TATACTTTAATAAATGTATATTGTATTGTATACTGCATGATTTTATTGAAGTTCTTGTTC 202083

Qy   9781 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 9840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202084 ATCTTGTGTATATACTTAATCGCTTTGTCATTTTGGAGACATTTATTTTGCTTCTAATTT 202143

Qy   9841 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 9900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202144 CTTTACATTTTGTCTTACGGAATATTTTCATTCAACTGTGGTAGCCGAATTAATCGTGTT 202203

Qy   9901 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 9960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202204 TCTTCACTCTAGGGACATTGTCGTCTAAGTTGTAAGACATTGGTTATTTTACCAGCAAAC 202263

Qy   9961 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 10020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202264 CATTCTGAAAGCATATGACAAATTATTTCTCTCTTAATATCTTACTATACTGAAAGCAGA 202323

Qy  10021 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 10080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202324 CTGCTATAAGGCTTCACTTACTCTTCTACCTCATAAGGAATATGTTACAATTAATTTATT 202383

Qy  10081 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 10140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202384 AGGTAAGCATTTGTTTTATATTGGTTTTATTTCACCTGGGCTGAGATTTCAAGAAACACC 202443

Qy  10141 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 10200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202444 CCAGTCTTCACAGTAACACATTTCACTAACACATTTACTAAACATCAGCAACTGTGGCCT 202503

Qy  10201 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 10260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202504 GTTAATTTTTTTAATAGAAATTTTAAGTCCTCATTTTCTTTCGGTGTTTTTTAAGCTTAA 202563

Qy  10261 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 10320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202564 TTTTTCTGGCTTTATTCATAAATTCTTAAGGTCAACTACATTTGAAAAATCAAAGACCTG 202623

Qy  10321 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 10380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db 202624 CATTTTAAATTCTTATTCACCTCTGGCAAAACCATTCACAAACCATGGTAGTAAAGAGAA 202683

Qy  10381 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 10440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202684 GGGTGACACCTGGTGGCCATAGGTAAATGTACCACGGTGGTCCGGTGACCAGAGATGCAG 202743

Qy  10441 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 10500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202744 CGCTGAGGGTTTTCCTGAAGGTAAAGGAATAAAGAATGGGTGGAGGGGCGTGCACTGGAA 202803

Qy  10501 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 10560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202804 ATCACTTGTAGAGAAAAGCCCCTGAAAATTTGAGAAAACAAACAAGAAACTACTTACCAG 202863

Qy  10561 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 10620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202864 CTATTTGAATTGCTGGAATCACAGGCCATTGCTGAGCTGCCTGAACTGGGAACACAACAG 202923

Qy  10621 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 10680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202924 AAGGAAAACAAACCACTCTGATAATCATTGAGTCAAGTACAGCAGGTGATTGAGGACTGC 202983

Qy  10681 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 10740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 202984 TGAGAGGTACAGGCCAAAATTCTTATGTTGTATTATAATAATGTCATCTTATAATACTGT 203043

Qy  10741 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 10800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db 203044 CAGTATTTTATAAAACATTCTTCACAAACTCACACACATTTAAAAACAAAACACTGTCTC 203103

Qy  10801 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 10825
          |||||||||||||||||||||||||
Db 203104 TAAAATCCCCAAATTTTTCATAAAC 203128


Search completed: June 19, 2002, 18:01:11
Job time: 14623 sec
```